

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 15, 2005, 04:53:20 ; Search time 8937.89 Seconds
(without alignments)
11124.566 Million cell updates/sec

Title: US-09-806-197-1
Perfect score: 2052
Sequence: 1 catgtgtgcccacacagcaca.....gcataacatcttaataatc 2052

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 4708233 seqs, 24227607955 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 9416466

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Listing first 45 summaries

Database :

Genbankl:*
1: gb_ba:*
2: gb_hcg:*
3: gb_in:*
4: gb_om:*
5: gb_ov:*
6: gb_pat:*
7: gb_ph:*
8: gb_pl:*
9: gb_pr:*
10: gb_ro:*
11: gb_scs:*
12: gb_sy:*
13: gb_un:*
14: gb_vl:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB	ID	Description
1	2052	100.0	2052	6	E40087	E40087 Plant promo
2	2048.8	99.8	2052	6	E40093	E40093 Plant promo
3	2038	99.3	2056	6	E40091	E40091 Plant promo
4	2034	99.1	2048	6	E40090	E40090 Plant promo
5	2032.4	99.0	2048	6	E40089	E40089 Plant promo
6	241.2	11.8	2042	6	AR076817	AR076817 Sequence
7	241.2	11.8	2042	6	E15125	E15125 Promoter. 7
8	196.6	9.6	247	6	AR076816	AR076816 Sequence
9	196.6	9.6	247	6	E15124	E15124 Promoter. 7
10	195.6	9.5	246	6	AR146852	AR146852 Sequence
11	195.6	9.5	246	6	E55065	E55065 Plant promo
12	174	8.5	8005	8	DC181706	DC181706 Daucus caro
13	162.4	7.9	2831	6	BD188672	BD188672 Promotor
14	162.4	7.9	2865	6	BD188674	BD188674 Promotor
15	162.4	7.9	4886	8	DARCSH2	D16255 Carrot gchs
16	119	5.8	140	6	AR146856	AR146856 Sequence
17	119	5.8	140	6	AR146857	AR146857 Sequence
18	119	5.8	140	6	E55069	E55069 Plant promo
19	119	5.8	140	6	E55070	E55070 Plant promo

c	20	106.6	5.2	250029	3	AE014839	AE014839 Plasmodiu
c	21	103.6	5.0	172816	9	AC093899	AC093899 Homo sapi
c	22	101.8	5.0	258658	3	AE014832	AE014832 Plasmodiu
c	23	100.4	4.9	348174	3	CR382399	CR382399 Plasmodiu
c	24	99.4	4.8	8056	6	AX599046	AX599046 Sequence
c	25	99.2	4.8	205130	2	AC105425	AC105425 Homo sapi
c	26	97	4.7	14867	3	AE001398	AE001398 Plasmodiu
c	27	96.6	4.7	67970	3	PFMALP3	AL031746 Plasmodiu
c	28	96.4	4.7	4601	3	DMU11584	U11584 Drosophila
c	29	96.4	4.7	19517	3	DMU37541	U37541 Drosophila
c	30	95.8	4.7	64394	9	AL928596	AL928596 Human DNA
c	31	95.2	4.6	313050	3	PFA929352	AL929352 Plasmodiu
c	32	93.8	4.6	143331	9	AC091214	AC091214 Homo sapi
c	33	93	4.5	349980	6	AX344555	AX344555 Sequence
c	34	92.6	4.5	180629	2	CR388025	CR388025 Danio rer
c	35	92.6	4.5	349751	3	PFMALP3	AL035476 Plasmodiu
c	36	92.4	4.5	261771	2	CR356223	CR356223 Danio rer
c	37	91.8	4.5	8056	6	AX599046	AX599046 Sequence
c	38	91.6	4.5	8056	6	AX599046	AX599046 Sequence
c	39	91	4.4	21153	8	YSCWTCG13	L36897 Saccharomyc
c	40	91	4.4	118642	9	AC126283	AC126283 Homo sapi
c	41	91	4.4	178427	2	CR392006	CR392006 Danio rer
c	42	90.8	4.4	86826	3	PFMALP3	AL034556 Plasmodiu
c	43	90.6	4.4	155106	9	AC104069	AC104069 Homo sapi
c	44	90.6	4.4	178670	9	AC104073	AC104073 Homo sapi
c	45	90.6	4.4	206038	2	CR647802	CR647802 Danio rer

ALIGNMENTS

RESULT 1	E40087	2052 bp	DNA	linear	PAT 31-JAN-2002
LOCUS	E40087	Plant promoter and terminator.			
DEFINITION	E40087				
ACCESSION	E40087.1	GI:18627203			
VERSION	JP 2000166577-A/1.				
KEYWORDS	unidentified				
SOURCE	unidentified				
ORGANISM	unclassified.				
REFERENCE	1 (bases 1 to 2052)				
AUTHORS	Nishikawa,S. and Oeda,K.				
TITLE	Plant promoter and terminator				
JOURNAL	Patent: JP 2000166577-A 1 20-JUN-2000;				
COMMENT	SUMITOMO CHEM CO LTD				
OS	Daucus carota L.				
PN	JP 2000166577-A/1				
PD	20-JUN-2000				
PF	01-OCT-1999 JP 1999281475				
PR					
PI	SATOMI NISHIKAWA,KENJI OEDA				
PC	C12N15/09,A01H5/00,C12N1/21,C12N5/10//C12N5/10,C12R1:91, PC				
C12N15/00,					
PC	C12N5/00,(C12N5/00,C12R1:91)				
CC					
FH	Key	Location/Qualifiers			
FT	promoter	(1)..(2052).			

FEATURES

source 1..2052
/organism="unidentified"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:32644"

ORIGIN

Query Match 100.0%; Score 2052; DB 6; Length 2052;
Best local similarity 100.0%; Pred. No. 4.4e-310;
Matches 2052; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 CATGTGTGCCCCTACACGACATATGGGCTTTGGTTGAAGAAGCAAGCTGCTTCTGA 60
DB 1 CATGTGTGCCCCTACACGACATATGGGCTTTGGTTGAAGAAGCAAGCTGCTTCTGA 60

QY	61	CTTCTCTCTCTTTGACCTGTTTGTAATAAGAGTAGAAATATTTTAAAGAGCGGAA	1200
Db	61	CTTCTCTCTCTTTGACCTGTTTGTAATAAGAGTAGAAATATTTTAAAGAGCGGAA	1200
QY	121	TACTAACTTCTCTCAACAACCTCGGCTCTTTCCAAACCTTTATTAACCTTTTACT	180
Db	121	TACTAACTTCTCTCTCAACAACCTCGGCTCTTTCCAAACCTTTATTAACCTTTTACT	180
QY	181	TTCTATTTCTACCTCCACTTTTGTCTATPAGCAAGAAATCACTCTTTTAAGCTAACCA	240
Db	181	TTCTATTTCTACCTCCACTTTTGTCTATPAGCAAGAAATCACTCTTTTAAGCTAACCA	240
QY	241	AACGGGCTCAATAAAGATCATTCATAATGATCTTCAATTTAGATPACAATACGT	300
Db	241	AACGGGCTCAATAAAGATCATTCATAATGATCTTCAATTTAGATPACAATACGT	300
QY	301	GAACAGGTTATTTTAAACGTGTCACAAAATTCATAATTTTAACTGGCGGTAACA	360
Db	301	GAACAGGTTATTTTAAACGTGTCACAAAATTCATAATTTTAACTGGCGGTAACA	360
QY	361	CCGCTCTCCAGATATATATTTTAAATTTGTAGCCCTCTTTAAACAAATTCGATGC	420
Db	361	CCGCTCTCCAGATATATATTTTAAATTTGTAGCCCTCTTTAAACAAATTCGATGC	420
QY	421	AGGAGACTTGTAGTGATATACACATGTACTGTAGCTTTTAAACAAGAACAGTGTC	480
Db	421	AGGAGACTTGTAGTGATATACACATGTACTGTAGCTTTTAAACAAGAACAGTGTC	480
QY	481	ATGCTCAGCCATCAAAATTTGCAAAACCCGACACACATATATCGATCTATATCTTT	540
Db	481	ATGCTCAGCCATCAAAATTTGCAAAACCCGACACACATCTATCAGATCTATATCTTT	540
QY	541	TGGCGGATGCTTCTCAAAATGTTTTTATATGTAAATTAATAGCCATCCAGAGTAACT	600
Db	541	TGGCGGATGCTTCTCAAAATGTTTTTATATGTAAATTAATAGCCATCCAGAGTAACT	600
QY	601	AAATTTCCGCTTAAACAGTTGTTAAATATATGTTTACCTTACAAAGATATTCGT	660
Db	601	AAATTTCCGCTTAAACAGTTGTTAAATATATGTTTACCTTACAAAGATATTCGT	660
QY	661	AATATCTTTTAAAGCAGACAGACTTAGGTCAAAATTGACCCCTGTAAACGCTTAGACT	720
Db	661	AATATCTTTTAAAGCAGACAGACTTAGGTCAAAATTGACCCCTGTAAACGCTTAGACT	720
QY	721	TGGTCACTGATTAATGATTAATTTGTACTATATATATAGATCTTACAATGACATTAAT	780
Db	721	TGGTCACTGATTAATGATTAATTTGTACTATATATATAGATCTTACAATGACATTAAT	780
QY	781	ATTAGAGCTATTAATTAAGTTACTAATTAATAAGAGGTTAGTAAACGAAGACAGGTAT	840
Db	781	ATTAGAGCTATTAATTAAGTTACTAATTAATAAGAGGTTAGTAAACGAAGACAGGTAT	840
QY	841	AAAAACAAGACTTGTGCTGTGTGTTTAACTGTTGTGAGCTCAATTTCTTTAAAGTAATG	900
Db	841	AAAAACAAGACTTGTGCTGTGTGTTTAACTGTTGTGAGCTCAATTTCTTTAAAGTAATG	900
QY	901	TAACTGATCTTAAAGCAGATGAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTTACAAGATTTATA	960
Db	901	TAACTGATCTTAAAGCAGATGAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTTACAAGATTTATA	960
QY	961	TTAAACGAAATCAATTTTATTAACATGTCTCGGCTGATTAATAATAGGATCACTTAC	1020
Db	961	TTAAACGAAATCAATTTTATTAACATGTCTCGGCTGATTAATAATAGGATCACTTAC	1020
QY	1021	TGATCATCAATTAACCTTGTTTAAACAATTCATATGAGATAAATCTTTACAATGAA	1080
Db	1021	TGATCATCAATTAACCTTGTTTAAACAATTCATATGAGATAAATCTTTACAATGAA	1080
QY	1081	AAGAAGACAAATGCTCTTTGAAAAACAATAGGATCTCCCTCGCTCTGAAATGT	1140
Db	1081	AAGAAGACAAATGCTCTTTGAAAAACAATAGGATCTCCCTCGCTCTGAAATGT	1140
QY	1141	ATATCATATGATTTGACACAGAGACTTAAAGAAAAATATTAAGTATATGATTAAGAAAG	1200

Db	1141	ATACCATGATTGGACACGGAGCTAAGAAAAATGTATAAAAGTAAAGTAGAGAATAAG	1200
OY	1201	AAAGGAAGAAAAGTGCGTTAAAGTAGCGGAGCCCAATATATTAATGTAGACTTAG	1260
Db	1201	AAAGGAAGAAAAGTGCGTTAAAGTAGCGGAGCCCAATATATTAATGTAGACTTAG	1260
OY	1261	AAAAGTGTGAAGTAGTGCGGTCGGTGCGGATTTTTTATATTAATAAAATTTACTATTYG	1320
Db	1261	AAAAGTGTGAAGTAGTGCGGTCGGTGCGGATTTTTTATATTAATAAAATTTACTATTYG	1320
OY	1321	AGAAAGTTTTGAAATGTATAGAAATGTAGTGCGGCATCCATPAAAGGAAGTGATGAAT	1380
Db	1321	AGAAAGTTTTGAAATGTATGAATGTAGTGCGGCATCCATPAAAGGAAGTGATGAAT	1380
OY	1381	TAAATGGACAGAGGAGTAGTATCCTTTATGATGATAATAATTTTTGTTATTTGATTCA	1440
Db	1381	TAAATGGACAGAGGAGTAGTATCCTTTATGATGATAATAATTTTTGTTATTTGATTCA	1440
OY	1441	TAAATTTATTAATCTATGTTATATGATATATTAATTTTAAAAATPATCTATATTAAT	1500
Db	1441	TAAATTTATTAATCTATGTTATATGATATATTAATTTTAAAAATPATCTATATTAAT	1500
OY	1501	CTGATTAGTCGATTTACCGCCTTTTAPATTTTACAATCTAGCTATATGATAAATCAG	1560
Db	1501	CTGATTAGTCGATTTACCGCCTTTTAPATTTTACAATCTAGCTATATGATAAATCAG	1560
OY	1561	TATCTGAAAAGCAAATATATCTTTGTTPAAAACAGCGTTCGGTCAATGGGAAGTCAAG	1620
Db	1561	TATCTGAAAAGCAAATATATCTTTGTTPAAAACAGCGTTCGGTCAATGGGAAGTCAAG	1620
OY	1621	TGTATTCATATGTTTATATATTAAGTAAATTTTAAATTAATGTATTTTGTTCAGA	1680
Db	1621	TGTATTCATATGTTTATATATTAAGTAAATTTTAAATTAATGTATTTTGTTCAGA	1680
OY	1681	AATTTAAATTAATTTATTTAGCATGGGAAGTTCACGGGCATCATTTAGCAGCAGCTAGACT	1740
Db	1681	AATTTAAATTAATTTATTTAGCATGGGAAGTTCACGGGCATCATTTAGCAGCAGCTAGACT	1740
OY	1741	GTTTGAACAATGTATGTCGCGTGATCATCTATGACCTTTTAACTCAAACTAGTGAATAAT	1800
Db	1741	GTTTGAACAATGTATGTCGCGTGATCATCTATGACCTTTTAACTCAAACTAGTGAATAAT	1800
OY	1801	GCATCTGAGAAATACATCTTTTCAAAATTTCAACAAACAGACTTTAACCTTTCTTCAAG	1860
Db	1801	GCATCTGAGAAATACATCTTTTCAAAATTTCAACAAACAGACTTTAACCTTTCTTCAAG	1860
OY	1861	GATTGGATCTTTTCTTAAACTTTTAAATVAAAAAAANGATTTTGTATATTTATC	1920
Db	1861	GATTGGATCTTTTCTTAAACTTTTAAATVAAAAAAANGATTTTGTATATTTATC	1920
OY	1921	AACACCTCAACATGATGTGTTAGCGATCTATTAATAATAGTGCTCTGTGCTCACTATCAT	1980
Db	1921	AACACCTCAACATGATGTGTTAGCGATCTATTAATAATAGTGCTCTGTGCTCACTATCAT	1980
OY	1981	CACATCAATCTTACACCAAAACCTTGAGCTTAATTTTCTACTATATCTCAGCAATAAC	2040
Db	1981	CACATCAATCTTACACCAAAACCTTGAGCTTAATTTTCTACTATATCTCAGCAATAAC	2040
OY	2041	ATTCTTAATATC 2052	
Db	2041	ATTCTTAATATC 2052	
RESULT 2	E40093	2052 bp DNA linear PAT 31-JAN-2002	
LOCUS	E40093	Plant promoter and terminator.	
DEFINITION	E40093		
ACCESION	E40093.1	GI:18627209	
VERSION	JF_2000166577-A/7.		
KEYWORDS	unidentified		
SOURCE	unidentified		
ORGANISM	unidentified		

181 TCTCATTTCTACTGCACTTCTTGCTATPAGCAAGAAATCACTCTCTTTAAAGCTAACCA 240
181 TCTCATTTCTACTGCACTTCTTGCTATPAGCAAGAAATCACTCTCTTTAAAGCTAACCA 240
QY 241 AAGGCGCTCAATPAAAGATCATTTCATTAATGATCTTCAATTTTAAAGATPACAAATAGT 300
241 AAGGCGCTCAATPAAAGATCATTTCATTAATGATCTTCAATTTTAAAGATPACAAATAGT 300
Db 301 GAACAGGGTTATTTTAAAGCTGTCACAAATTTCTAATATTTTAACTGCGCGGTGAACA 360
301 GAACAGGGTTATTTTAAAGCTGTCACAAATTTCTAATATTTTAACTGCGCGGTGAACA 360
QY 361 CCGTCTCCAGATATATATTTTAAATTTTGTAGCCCTCCCTTTTAAACCAATTCGATGC 420
361 CCGTCTCCAGATATATATTTTAAATTTTGTAGCCCTCCCTTTTAAACCAATTCGATGC 420
Db 421 AAGACGACTTATAGTGAATPACATTTGATCTGTGATCTTTTAAACAAAGACAGTGGTTC 480
421 AAGACGACTTATAGTGAATPACATTTGATCTGTGATCTTTTAAACAAAGACAGTGGTTC 480
QY 481 ATGCTCAGCCATCAAAAATGACAAAACCCGACACACACTATCCAGCTACTATACCTT 540
481 ATGCTCAGCCATCAAAAATGACAAAACCCGACACACACTATCCAGCTACTATACCTT 540
Db 541 TGGCCGAAATGGCTTGCAAAATGTTTTTATATGTAATAATATGCCATCCAGATTAAGT 600
541 TGGCCGAAATGGCTTGCAAAATGTTTTTATATGTAATAATATGCCATCCAGATTAAGT 600
QY 601 AAAATTCGGCTTTTAAACGATTTGTTAAATATATATATGTTTAACTTACAGAGAGATTTGCT 660
601 AAAATTCGGCTTTTAAACGATTTGTTAAATATATATATGTTTAACTTACAGAGAGATTTGCT 660
Db 601 AAAATTCGGCTTTTAAACGATTTGTTAAATATATATATGTTTAACTTACAGAGAGATTTGCT 660
QY 661 AATACCTTTTGAAGCAAGAGACTTAAAGTCAAAAATGACCCCTGTTAAACAGCTTAGACT 720
661 AATACCTTTTGAAGCAAGAGACTTAAAGTCAAAAATGACCCCTGTTAAACAGCTTAGACT 720
Db 661 AATACCTTTTGAAGCAAGAGACTTAAAGTCAAAAATGACCCCTGTTAAACAGCTTAGACT 720
QY 721 TGGTCACTGATTAATAGATTAATTTGTTAGTAAATATATAGTAGATCTTCAATGACATTA 780
721 TGGTCACTGATTAATAGATTAATTTGTTAGTAAATATATAGTAGATCTTCAATGACATTA 780
Db 721 TGGTCACTGATTAATAGATTAATTTGTTAGTAAATATATAGTAGATCTTCAATGACATTA 780
QY 781 ATTAGAGCTAATTAATTAAGTTATCTAATTAATPAGAGAGTTAGTAAACAGAAAGCAGTA 840
781 ATTAGAGCTAATTAATTAAGTTATCTAATTAATPAGAGAGTTAGTAAACAGAAAGCAGTA 840
Db 781 ATTAGAGCTAATTAATTAAGTTATCTAATTAATPAGAGAGTTAGTAAACAGAAAGCAGTA 840
QY 841 AAAACAAGAGCTTGCTGCTGTGTGTAGTGTGTGAGCTCAATTTCTTAAAGATTAAG 900
841 AAAACAAGAGCTTGCTGCTGTGTGTAGTGTGTGAGCTCAATTTCTTAAAGATTAAG 900
Db 841 AAAACAAGAGCTTGCTGCTGTGTGTAGTGTGTGAGCTCAATTTCTTAAAGATTAAG 900
QY 901 TAAACGATCTPAAAGCAATPAGAAATTTAGTACAGGTTTAAACCTTTTACAGAAATTTATA 960
901 TAAACGATCTPAAAGCAATPAGAAATTTAGTACAGGTTTAAACCTTTTACAGAAATTTATA 960
Db 901 TAAACGATCTPAAAGCAATPAGAAATTTAGTACAGGTTTAAACCTTTTACAGAAATTTATA 960
QY 961 TTTAAACGAAATCATTTTATPACATGCTCTCGCGCTCATTTATATAGGGATCACTTAC 1020
961 TTTAAACGAAATCATTTTATPACATGCTCTCGCGCTCATTTATATAGGGATCACTTAC 1020
Db 961 TTTAAACGAAATCATTTTATPACATGCTCTCGCGCTCATTTATATAGGGATCACTTAC 1020
QY 1021 TGATCATCCATTTAAACCTTGTTTAAACCAATTCATGATGATPAAATTTCTTACATGAA 1080
1021 TGATCATCCATTTAAACCTTGTTTAAACCAATTCATGATGATPAAATTTCTTACATGAA 1080
Db 1021 TGATCATCCATTTAAACCTTGTTTAAACCAATTCATGATGATPAAATTTCTTACATGAA 1080
QY 1081 AAGAGAGCAATGCTCTTTGAAAAAAACAATPAGATCTCCCTCGCTCGCTGAAAATGT 1140
1081 AAGAGAGCAATGCTCTTTGAAAAAAACAATPAGATCTCCCTCGCTCGCTGAAAATGT 1140
Db 1081 AAGAGAGCAATGCTCTTTGAAAAAAACAATPAGATCTCCCTCGCTCGCTGAAAATGT 1140
QY 1141 ATTCATATGATTTGACACGAGACTPAGAAAAATGTTAAAGTATGATGATPAAAG 1200
1141 ATTCATATGATTTGACACGAGACTPAGAAAAATGTTAAAGTATGATGATPAAAG 1200
Db 1141 ATTCATATGATTTGACACGAGACTPAGAAAAATGTTAAAGTATGATGATPAAAG 1200
QY 1201 AAAAGAAAAGAAAAGGGGTAAAGTAAAGGGGAGCCACCAATATATATTAATGATTAAG 1260
1201 AAAAGAAAAGAAAAGGGGTAAAGTAAAGGGGAGCCACCAATATATATTAATGATTAAG 1260
Db 1201 AAAAGAAAAGAAAAGGGGTAAAGTAAAGGGGAGCCACCAATATATATTAATGATTAAG 1260

Qy	1861	GATTGGAAATCCTTTTCTTAAACTTTTAAAAATAAAAATGCAATATTGTAATATTATC	1920
Db	1857	GATTGGAAATCCTTTTCTTAAACTTTTAAAAATAAAAATGCAATATTGTAATATTATC	1916
Qy	1921	AACACCTCAACATGATGTAGTACGACTATATAATAGGCGCTTGCGTCTACTATCAT	1980
Db	1917	AACACCTCAACATGATGTAGTACGACTATATAATAGGCGCTTGCGTCTACTATCAT	1976
Qy	1981	CACATCAATCTTACACCAACAACTTGAGCTTAATTTTCTACTTAATTCACAGATTAAC	2040
Db	1977	CACATCAATCTTACACCAACAACTTGAGCTTAATTTTCTACTTAATTCACAGATTAAC	2036
Qy	2041	ATTCTAAATATC	2052
Db	2037	ATTCTAAATATC	2048
RESULT 5			
E40089		2048 bp	DNA
LOCUS	E40089		linear
DEFINITION	Plant promoter and terminator.		PAT 31-JUN-2002
ACCESSION	E40089		
VERSION	E40089.1		
KEYWORDS	JP 2000166577-A/3.		
SOURCE	unidentified		
ORGANISM	unidentified		
REFERENCE	1 (bases 1 to 2048)		
AUTHORS	Nishikawa, S. and Oeda, K.		
TITLE	Plant promoter and terminator		
JOURNAL	Patent: JP 2000166577-A 3 20-JUN-2000;		
COMMENT	SDMITOMO CHEM CO LTD		
	OS Daucus carota L.		
	PN JP 2000166577-A/3		
	PD 20-JUN-2000		
	PF 01-OCT-1999 JP 1999281475		
	PR		
	PI SATOMI NISHIKAWA, KENJI OEDA		
	PC C12N15/09, A01H5/00, C12N1/21, C12N5/10// (C12N5/10, C12R1.91), PC		
	C12N15/00,		
	PC C12N5/00, (C12N5/00, C12R1.91)		
	CC		
FEATURES			
source	FT	Key	Location/Qualifiers
		promoter	(1)..(2048).
			Location/Qualifiers
			1..2048
			/organism="unidentified"
			/mol_type="genomic DNA"
			/db_xref="taxon:32644"
ORIGIN			
Query Match	99.0%;	Score 2032.4;	DB 6; Length 2048;
Best Local Similarity	99.8%;	Pred. No. 5e-307;	
Matches 2047;	Conservative	0; Mismatches	1; Indels 4; Gaps 1;
Qy	1	CATGTGCGCCATACGACATATAGGCGCTTTGGTTGAGAGACAGACAGAGCTGCTTCTGA	60
Db	1	CATGTGCGCCATACGACATATAGGCGCTTTGGTTGAGAGACAGAGAGCTGCTTCTGA	60
Qy	61	CTTCTCTCTTTTGACCTGTTTGATATAAGAAATAGTAATTTTAAAAAGCTCGAA	120
Db	61	CTTCTCTCTTTTGACCTGTTTGATATAAGAAATAGTAATTTTAAAAAGCTCGAA	120
Qy	121	TACTACTTCTCTGACAACTTCGCGCTTTTCCAAACACTTATTAATCTTTTACT	180
Db	121	TACTACTTCTCTGACAACTTCGCGCTTTTCCAAACACTTATTAATCTTTTACT	180
Qy	181	TCTCATTTCTACTCCACTCTTCTTGCTATAGCAAGAAATACCTTTTAAGTAAACCA	240
Db	181	TCTCATTTCTACTCCACTCTTCTTGCTATAGCAAGAAATACCTTTTAAGTAAACCA	240
Qy	241	AAGGCGCTCAATAAAGATCATTCATTAATGATCTTTGCAATTTTAGATTAACAATAGCT	300

Db	241	AAOGGCCCTCAATAAAGATCATTCATTAATGATCTTCAATTTTAGATTAACAATAGCT	300
Qy	301	GAACAGGGTTATTTTTTAAAGTGTCAACAAATTCATATATTTTAACTTGCCGGTGAA	360
Db	301	GAACAGGGTTATTTTTTAAAGTGTCAACAAATTCATATATTTTAACTTGCCGGTGAA	360
Qy	351	CCGCTTCCAAAGTAAATATTTTAAATTTTGTAGAGCTCCCTTTTAAACAAATGGCAGC	420
Db	351	CCGCTTCCAAAGTAAATATTTTAAATTTTGTAGAGCTCCCTTTTAAACAAATGGCAGC	420
Qy	421	AGGACGACTTAGTGAATACATTTGACTGTGAGTCTTTAAACAAGAACAGAGTGTTC	480
Db	421	AGGACGACTTAGTGAATACATTTGACTGTGAGTCTTTAAACAAGAACAGAGTGTTC	480
Qy	481	ATGCTCAGCCATCAAAATTTGACAAACCAGACAAACTCTATCCAGCTATATACCTT	540
Db	481	ATGCTCAGCCATCAAAATTTGACAAACCAGACAAACTCTATCCAGCTATATACCTT	540
Qy	541	TGGCCGAATGCTTCTCAAAATGTTTTTATATGTAAATATAGCCATCAAGGATTAAGT	600
Db	541	TGGCCGAATGCTTCTCAAAATGTTTTTATATGTAAATATAGCCATCAAGGATTAAGT	600
Qy	601	AAATTTCCGGTTTAAACGATTTGTATATATATATATGTTTAACTTCAAGAGGATTTGCT	660
Db	601	AAATTTCCGGTTTAAACGATTTGTATATATATATATGTTTAACTTCAAGAGGATTTGCT	660
Qy	661	AATACCTTTTAAAGCACAAGACACTTAGTCAAAAATGACGCTGTAAACAGCTAGACT	720
Db	661	AATACCTTTTAAAGCACAAGACACTTAGTCAAAAATGACGCTGTAAACAGCTAGACT	720
Qy	721	TGCTCAGCTGATTAATAGTAAATTTGTTAGTATATATATAGAGANTTCAATGACATTAA	780
Db	721	TGCTCAGCTGATTAATAGTAAATTTGTTAGTATATATATAGAGANTTCAATGACATTAA	780
Qy	781	ATTAGAGCTAATTAATTAAGTACTAATAATTAAGAGGTTAGTAAACAGAACGAGTA	840
Db	781	ATTAGAGCTAATTAATTAAGTACTAATAATTAAGAGGTTAGTAAACAGAACGAGTA	840
Qy	841	AAAACAAGAGCTGCTGCTGTGTGTTTGTGTTGTTGCTGACCTCATTTTAAAGTATG	900
Db	841	AAAACAAGAGCTGCTGCTGTGTGTTTGTGTTGTTGCTGACCTCATTTTAAAGTATG	900
Qy	901	TAACTGATCTTAAGCACATAGAAATTTAGTACAGGTTTAAACCTTTTCAAGAAATTTATA	960
Db	901	TAACTGATCTTAAGCACATAGAAATTTAGTACAGGTTTAAACCTTTTCAAGAAATTTATA	960
Qy	961	TTAAACGAAATCATTTTATTAACATGCTCTCTCGGCTGCTATTAATAGGATTCCTTAC	1020
Db	961	TTAAACGAAATCATTTTATTAACATGCTCTCTCGGCTGCTATTAATAGGATTCCTTAC	1020
Qy	1021	TGATCATCCATTTAAACCTGTGTTAAACAATTCATAGAGTAAATATCTTACATGAA	1080
Db	1021	TGATCATCCATTTAAACCTGTGTTAAACAATTCATAGAGTAAATATCTTACATGAA	1080
Qy	1081	AAGAAGACAATGCTCTTTGAAAAACAATAGGTACTCCCTCGCTCTGTAATGT	1140
Db	1081	AAGAAGACAATGCTCTTTGAAAAACAATAGGTACTCCCTCGCTCTGTAATGT	1140
Qy	1141	ATACCTATGAGATTGACACACGAGACTTAAGAAAAATGTTAAAGTAAATGTAAGTAAAG	1200
Db	1141	ATACCTATGAGATTGACACACGAGACTTAAGAAAAATGTTAAAGTAAATGTAAGTAAAG	1200
Qy	1201	AAAGAGAAGAAAAAGTGGGTAAAGTAGCGGGACCCACCAATATATATGATAGATTAG	1260
Db	1201	AAAGAGAAGAAAAAGTGGGTAAAGTAGCGGGACCCACCAATATATATGATAGATTAG	1260
Qy	1261	AAAAAGTGTGAAGTAGGGGTGGGATTTTATATATTAATAAAATTTTAACTATTTTG	1320
Db	1261	AAAAAGTGTGAAGTAGGGGTGGGATTTTATATATTAATAAAATTTTAACTATTTTG	1320
Qy	1321	AGAAAGTTTGAATATGATTAAGATGGGACATCCATAAAGGAAGGTATAGAT	1380
Db	1321	AGAAAGTTTGAATATGATTAAGATGGGACATCCATAAAGGAAGGTATAGAT	1380
Qy	1317	AGAAAGTTTGAATATGATTAAGATGGGACATCCATAAAGGAAGGTATAGAT	1376
Db	1317	AGAAAGTTTGAATATGATTAAGATGGGACATCCATAAAGGAAGGTATAGAT	1376

QY		1361	TAAATGGACAGAGGAGTAACTACTTAATGAATAATPAAATTTTGCTAATTGGATTCA	1440
Dd		1377	TAAATGGACAGAGGAGTAATACCCTTATGATATATPAAATTTTTGTATTTGATTTTCA	1436
QY		1441	TAAATGTTAATCATGTTATTAATGATATATATATTTTAAATTAATACTATATTAAT	1500
Dd		1447	TAAATGTTAATCATGTTATTAATGATATATATATTTTAAATTAATACTATATTAAT	1498
QY		1501	CTGATTAGTCGATTACCGCCTTTTATATAATTTTACAATCTGAGTATATGATAATACAG	1560
Dd		1497	CTGATTAGTCGATTACCGCCTTTTATATAATTTTACAATCTGAGTATATGATAATACAG	1558
QY		1561	TTATCTGAAAAGCAAATPATATCTTTGTAAGAAGCCGTGGCTAAATGGGAAGTCAATG	1620
Dd		1557	TTATCTGAAAAGCAAATPATATCTTTGTAAGAAGCCGTGGCTAAATGGGAAGTCAATG	1618
QY		1621	TGATATTCATAGTTTATATATATAAGTAAATTTTAAATTAATTTGTAATTTTGTTCAGA	1680
Dd		1617	TGATATTCATAGTTTATATATATAAGTAAATTTTAAATTAATTTGTAATTTTGTTCAGA	1676
QY		1661	AATTTAAATPAATTTATTTAGCATGGAAGTTCAAGGGCATCATTTAGACAGCATAGACT	1740
Dd		1677	AATTTAAATPAATTTATTTAGCATGGAAGTTCAAGGGCATCATTTAGACAGCATAGACT	1736
QY		1741	GTTTGAACAATGTAATGTCGCCGTGTAACATCTATGACCTTTCAACCTAACTATGTAATAT	1800
Dd		1737	GTTTGAACAATGTAATGTCGCCGTGTAACATCTATGACCTTTCAACCTAACTATGTAATAT	1796
QY		1801	GCATTCTGATATACATCTTTTCAATTTTCAACAACAACAGCTTTAACTTTTCTTCAAG	1860
Dd		1797	GCATTCTGATATACATCTTTTCAATTTTCAACAACAACAGCTTTAACTTTTCTTCAAG	1856
QY		1861	GATTGGAATCCTTTTCTPAACCTTTTAAATTAATAAAAAATGCAATTTGTAATATTATC	1920
Dd		1857	GATTGGAATCCTTTTCTPAACCTTTTAAATTAATAAAAAATGCAATTTGTAATATTATC	1916
QY		1921	AACACCTCAATGATGATTGAGCTACATATATATAGGAGCTCTGGGCTCTACATCAT	1980
Dd		1917	AACACCTCAATGATGATTGAGCTACATATATATAGGAGCTCTGGGCTCTACATCAT	1976
QY		1981	CACATCAATCTTACACCAACAACCTTGAGCTTAAATTTTCTACTATATTTCTGACAAATAC	2040
Dd		1977	CACATCAATCTTACACCAACAACCTTGAGCTTAAATTTTCTACTATATTTCTGACAAATAC	2036
QY		2041	ATTTCTAAATATC 2052	
Dd		2037	ATTTCTAAATATC 2048	
RESULT 6				
AR076817	LOCUS	AR076817	2042 bp	DNA linear PAT 30-AUG-2000
DEFINITION	Sequence 2 from patent US 5959176.			
ACCESSION	AR076817			
VERSION	AR076817.1	GI:10003563		
KEYWORDS	.			
SOURCE	Unknown.			
ORGANISM	Unknown.			
REFERENCE	Unclassified.			
AUTHORS	1 (bases 1 to 2042)			
TITLE	Torikai,S. and Oeda,K.			
JOURNAL	Plant promoter and utilization thereof			
FEATURES	Patent: US 5959176-A 2 28-SEP-1999; ✓ Location/Qualifiers 1..2042			
ORIGIN	/organism="unknown" /mol_type="unassigned DNA"			
Query Match 11.8%; Score 241.2; DB 6; Length 2042;				
Best Local Similarity 72.8%; Pred.No. 3.7e-28;				
Matches 367; Conservative 0; Mismatches 128; Indels 9; Gaps 4;				

Db 61 TAGAATCGTTCTTAACTTTTAAAT--AAAAATACATTACTATAATTTATCAAC 118
Qy 1924 ACCGACATGATGTTAGCGTACTATAATAGTGTCTGTGCTACTATCATCAGC 1983
Db 119 ACCGACATGATGTTAGCGTACTATAATAGTGTCTGTGCTACTATCATCAGC 178
Qy 1984 ATCAATCTTACACCAAACTTGAAGCTTAATTTTCTACTTAATTTCTCAAGATAATCATT 2043
Db 179 ATCAATCTTACACCAAACTTGAAGCTTAATTTTCTACTTAATTTTGAAGAAAAATTT 238
Qy 2044 CTAATATTC 2052
Db 239 CTAAGGTC 247
RESULT 9
E5124 247 bp DNA linear PAT 28-JUL-1999
LOCUS Promoter.
DEFINITION E5124
ACCESSION E5124.1 GI:5709807
VERSION JP 1998052273-A/1.
KEYWORDS unidentified
SOURCE unidentified
ORGANISM unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 247)
AUTHORS Torikai,T. and Oita,K.
TITLE VEGETABLE PROMOTER AND ITS USE
JOURNAL Patent: JP 1998052273-A 1 24-FEB-1998;
SUMITOMO CHEM CO LTD
COMMENT OS Daucus carota L. (carrot)
PN JP 1998052273-A/1
PD 24-FEB-1998
PF 12-AUG-1998 JP 1996212680
PI TORIKAI TOSHIMI, OITA KENJI
PC C12N15/09,A01H5/00,C07H21/04,C07K14/415,C12N1/21,C12N5/10; CC
strandedness: Single;
CC topology: linear;
CC hypothetical: No;
CC anti-sense: No;
FH Key Location/Qualifiers
FI source 1..247
FT /organism='Daucus carota L.'
FT /clone='pCR161-Xb'
FT /promoter 1<..<247.
FT Location/Qualifiers
FEATURES
source 1..247
/organism="unclassified"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:32644"
ORIGIN
Query Match 9.6%; Score 196.6; DB 6; Length 247;
Best Local Similarity 89.6%; Pred. No. 4.9e-21;
Matches 223; Conservative 0; Mismatches 24; Indels 2; Gaps 1;
Qy 1804 TTCTAGATATCATCTTTCAAAATTTCAACAAACAGCTTTAACTTTCTTCAACGAT 1863
Db 1 TTCTAGATATATCTTTGAAAATTTCAACAAACAGCACTAACTTTCTTTTAAACAGAT 60
Qy 1864 TGGAAATCTTTCTTAACTTTTAAATAAAAATGAATATTTCTATATTTATCAAC 1923
Db 61 TGGAAATCTTTCTTAACTTTTAAAT--AAAAATATCATTAATAATTTATCAAC 118
Qy 1924 ACCGACATGATGTTAGCGTACTATAATAGTGTCTGTGCTACTATCATCAGC 1983
Db 119 ACCGACATGATGTTAGCGTACTATAATAGTGTCTGTGCTACTATCATCAGC 178
Qy 1984 ATCAATCTTACACCAAACTTGAAGCTTAATTTTCTACTTAATTTCTCAAGATAATCATT 2043
Db 179 ATCAATCTTACACCAAACTTGAAGCTTAATTTTCTACTTAATTTTGAAGAAAAATTT 238

Qy 2044 CTAATATTC 2052
Db 239 CTAAGGTC 247
RESULT 10
AR146852 246 bp DNA linear PAT 08-AUG-2001
LOCUS AR146852
DEFINITION Sequence 2 from patent US 6218598.
ACCESSION AR146852
VERSION AR146852.1 GI:15110041
KEYWORDS Unknown.
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unknown.
REFERENCE 1 (bases 1 to 246)
AUTHORS Ishige,F., Nishikawa,S. and Oeda,K.
TITLE Plant promoter
JOURNAL Patent: US 6218598-A 2 17-APR-2001;
LOCATION/Qualifiers
FEATURES source 1..246
/organism="unknown"
/mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN
Query Match 9.5%; Score 195.6; DB 6; Length 246;
Best Local Similarity 89.5%; Pred. No. 7e-21; 24; Indels 2; Gaps 1;
Matches 222; Conservative 0; Mismatches 24;
Qy 1805 TCTAGATATCATCTTTTCAAAATTTCAACAAACAGCTTTAACTTTCTTCAACGATT 1864
Db 1 TCTAGATATATCTTTGAAAATTTCAACAAACAGCACTAACTTTCTTTTAAACAGATT 60
Qy 1865 GGAATCTTTTCTTAACTTTTAAATAAAAATGAATATTTGTAATTTTATCAACA 1924
Db 61 AGAATCGTTTCTTAACTTTTAAAT--AAAAATATCATTAATAATTTATCAACA 118
Qy 1925 CCTCAACATGATGTTAGCGTACTATAATAGTGTCTGTGCTCTACTATCATCACA 1984
Db 119 CCTCAACATGATGTTAGCGTACTATAATAGTGTCTGTGCTCTACTATCATCACA 178
Qy 1985 TCAATCTTACACCAAACTTGAAGCTTAATTTTCTACTTAATTTCTCAAGATAATCATT 2044
Db 179 TCAATCTTACACCAAACTTGAAGCTTAATTTTCTACTTAATTTTGAAGAAAAATTT 238
Qy 2045 TAAATATTC 2052
Db 239 TAAAGGTC 246
RESULT 11
E55065 246 bp DNA linear PAT 31-JAN-2002
LOCUS E55065
DEFINITION Plant promoter.
ACCESSION E55065
VERSION E55065.1 GI:18625251
KEYWORDS JP 2000083679-A/2.
SOURCE unidentified
ORGANISM unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 246)
AUTHORS Ishige,I., Nishikawa,S. and Oeda,K.
TITLE Plant promoter
JOURNAL Patent: JP 2000083679-A 2 28-MAR-2000;
SUMITOMO CHEM CO LTD
COMMENT OS Daucus carota L.
PN JP 2000083679-A/2
PD 28-MAR-2000
PF 12-JUL-1999 JP 1999197240
PI IKUHARU ISHIGE, SATOMI NISHIKAWA, KENJI OEDA
PC C12N15/09,A01H5/00,C12N1/21,C12N5/10/(C12N15/09,C12R1:91), PC
(C12N5/10,C12R1:91),C12N15/00,C12N5/00,(C12N15/00,C12R1:91), PC

(C12N5/00,C12R1.91)
CC FH Location/Qualifiers
FT source 1..246 /organism="Daucus carota L.",
FT Location/Qualifiers
1..246 /organism="unidentified"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:32644"

ORIGIN
Query Match 9.5%; Score 195.6; DB 6; Length 246;
Best Local Similarity 89.5%; Pred. No. 76-21;
Matches 222; Conservative 0; Mismatches 24; Indels 2; Gaps 1;
QY 1805 TCTAGAAATCATCTTTTCAAAATTTCAACAAACAGCTTAACTTTCTTCAAGGAT 1864
DB 1 TCTAGAAATCATCTTTTCAAAATTTCAACAAACAGCTTAACTTTCTTCAAGGAT 60
QY 1865 GGAATCCCTTTTCAAACTTTTAAATAAATAAATGATATGTAATATTATCAACA 1924
DB 61 AAGATCGTTCTTAAACTTTTAAAT--AAAAATACATTACTATATATTATCAACA 118
QY 1925 CCTCAACATGATGTTAGGCTACTATATAATAGTGCTCTGTCTACTATCATCA 1984
DB 119 CTTCAACATGATGTTAGGCTACTATATAATAGTGCTCTGTCTACTATCATCA 178
QY 1985 TCAATCTTACACCAACCACTTGAGCTTAATTTTCTACTATCTCAGCAATACATTC 2044
DB 179 TCAATCTTACAGCAACCACTTGAGCTTAATTTTCTACTATATTTTACAAAAACATTC 238
QY 2045 TTAATATC 2052
DB 239 TAAAGTTC 246

RESULT 12
DCA18706/c
LOCUS DCA18706 8005 bp DNA linear PLN 10-FBB-1999
DEFINITION Daucus carota Inv*Dcs gene.
ACCESSION Y18706
VERSION Y18706.1 GI:4454114
KEYWORDS beta-fructofuranosidase; Inv*Dcs gene; invertase; isoform.
SOURCE Daucus carota (carrot)
ORGANISM Daucus carota
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; campanulids; Apiales; Apiaceae; Apioideae; Scandiceae; Daucinae; Daucus.
1
Sturm,A.
Molecular characterisation and functional analysis of sucrose-cleaving enzymes in carrot (Daucus carota L.)
J. Exp. Bot. 47, 1187-1192 (1996)
2 (bases 1 to 8005)
Sturm,A.
Direct Submission
Submitted (27-JAN-1999) A. Sturm, Friedrich Miescher-Institut, Maulbeestr. 66, CH-4058 Basel, SWITZERLAND
Related sequence X67163.
Location/Qualifiers
1..8005
/organism="Daucus carota"
/mol_type="genomic DNA"
/cultivar="Nantaise"
/db_xref="taxon:4039"
1..8005
/gene="Inv*Dcs"
1..2666
/gene="Inv*Dcs"
join(2767..3160,3724..3732,4656..5515,5605..5766,
5869..6104,6190..6277,6384..6587)

/gene="Inv*Dcs"
/gc_number="3.2.1.26"
/note="soluble acid invertase"
/product="beta-fructofuranosidase, isoform II"
/protein_id="CAA77266.1"
/db_xref="GI:4454115"
/db_xref="GOA:Q42722"
/db_xref="UniProt/TREMBL:Q42722"
/translation="MEHPITISHYTPLPDGEHSPILTTNTAEOSSRRSLTPVLLFS
SIIAALVVGTVLWLPFNSGNEAVERKSTVPEETVFAARGVAEGYSKSPRPALNKE
PPANPEMNSNVLSMQRSSFHQPONNMNNDPRGFLFYGWYHLIFQVYDCAICNLT
VGHVYSDDLIMKHLPVAMVTDHWYDVGWYTSATLLPDCGIYMLVTGSTNSVQY
QNLAYPADSPDPLLEWYKYPGNPVLPVPPGIDKDRDPPTTARKTTPGKRLITGSK
LKHGTSLVYDVPDKNFTLLDGVYHVAHVGMECDVPFVSKFGEGIDTSPDVG
NKKRVLWSMIRETDSISDVRKMAVYQGIPTILPDKGSMLQMPVEVAKRL
NKTVEENEINTGAVLPLEISGSOLDITAEFYDKESLIERVQETNEVDCKNGGS
GRGALGPFGLLIADKDLSEQTPYFVYAKSGGNLRPFPCADHSRSKAVDNDKERY
GSVVPVLGEGKLWRIIVDHSIVESFSGGRCTITSRYPTKATYNNAKVFLNNATE
ARIASINIMQWNTAQRQTHRALVI"
2767..3160
/gene="Inv*Dcs"
/number=1
3161..3723
/gene="Inv*Dcs"
/number=1
3724..3732
/gene="Inv*Dcs"
/number=2
3733..4655
/gene="Inv*Dcs"
/number=2
4656..5515
/gene="Inv*Dcs"
/number=3
5516..5604
/gene="Inv*Dcs"
/number=3
5605..5766
/gene="Inv*Dcs"
/number=4
5767..5868
/gene="Inv*Dcs"
/number=4
5869..6104
/gene="Inv*Dcs"
/number=5
6105..6189
/gene="Inv*Dcs"
/number=5
6190..6277
/gene="Inv*Dcs"
/number=6
6278..6383
/gene="Inv*Dcs"
/number=6
6384..6587
/gene="Inv*Dcs"
/number=7
6588..8005
/gene="Inv*Dcs"

ORIGIN
Query Match 8.5%; Score 174; DB 8; Length 8005;
Best Local Similarity 81.7%; Pred. No. 8.2e-18;
Matches 201; Conservative 0; Mismatches 45; Indels 0; Gaps 0;
QY 17 CACATAGGCGCTGTTGGTTGAGAGACAGACCTGCTCTGCTCTCTTTTGA 76
DB 1285 CACTATGGGGGTTGTTTCCGGAAGTAGACCTGCTCTCTCTCTCTCTGA 1226
QY 77 CCTGTTGTATTAAGAGTAGAAATATTTTAAAAAGCTCGAATACTACTCTCTC 136

DB 1225 CCGGTTGTGTAATAGCAGAGCATTTTAAAGGTGAGAACTGACTCTCTC 1166
QY 137 ACAACTCCGCTCTTTCCAAACACTTTATTTACTTTTCTCATTTCTACCA 196
DB 1165 AAGGCTTCGCTCTTTCCAAACACTTTATTTATTTACTTCTCATTTCTCA 1106
QY 197 CTTCTTGTATAGCAAGAAATCACTTCTTTTAACTAACCCAAAGGCTCAATAA 256
DB 1105 CTTTCTATTTATAGTAAGAAATCACTTCTTTTAACTAACCCAAAGGCTCAAGCT 1046
QY 257 GATCAT 262
DB 1045 GACCCCT 1040

RESULT 13
BD188672
LOCUS BD188672 2831 bp DNA linear PAT 17-JUL-2003
DEFINITION Promotor and use thereof.
ACCESSION BD188672
VERSION BD188672.1 GI:32998411
KEYWORDS JP 2003000252-A/1.
SOURCE unidentified
ORGANISM unidentified
REFERENCE 1 (bases 1 to 2831)
AUTHORS Nishikawa, S. and Oeda, K.
TITLES Promotor and use thereof
JOURNAL Patent: JP 2003000252-A 1 07-JAN-2003;
SUMITOMO CHEMICAL CO LTD
COMMENT OS Daucus carota L. (carrot)
PN JP 2003000252-A/1
PD 07-JAN-2003
PF 31-MAY-2001 JP 2001164069
PI SATOMI NISHIKAWA, KENJI OEDA
PC C12N15/09, A01H5/00, C12N1/15, C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12N15/00, C12N5/00
CC Promotor and use thereof
FH Key Location/Qualifiers
FT promoter Location/Qualifiers
1. 2831
/organism="unidentified"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:32644"

ORIGIN
Query Match 7.9%; Score 162.4; DB 6; Length 2831;
Best Local Similarity 82.5%; Pred. No. 6.4e-16;
Matches 198; Conservative 0; Mismatches 41; Indels 1; Gaps 1;

QY 22 AGGCGCTGTTTGGTGAAGAGCAGAGCTGCTTCTGACTTCTTCTTTGACCTGT 81
DB 1716 AAGGCGCTGTTTGGTGAAGAGCAGAGCTGCTTCTGACTTCTTCTTTT -ACCCGT 1774
QY 82 TTGTATTAAGAGTAGAATATTTTAAAAAGCTGGAAATCACTTCTCTCTCAAC 141
DB 1775 TTGTGTAAAAAGCAGAACACTTTTAAAGGTGAAATGTAAGTTCTCTCTCAAC 1834
QY 142 TTCGCGTCTTTTCCAAACCTTATTAATTTTAACTTCTCATTTCTTACTTCACTTCT 201
DB 1835 TTCTGCTTTTCTTCCAAACCTTATTAATTTTAACTTCTCATTTCTCTGCTTCACTTCT 1894
QY 202 TTGCTATTAAGCAAGAAATCACTTCTTTTAACTTAACCCAAAGGCTCAATAAAGATCA 261
DB 1895 TTACTATTAAGCAAGAAATCACTTCTTTTAAATTAACCCAAAGGCTCAATAAATTTGA 1954

RESULT 14
BD188674
LOCUS BD188674 2865 bp DNA linear PAT 17-JUL-2003
DEFINITION Promotor and use thereof.

ACCESSION BD188674
VERSION BD188674.1 GI:32998413
KEYWORDS JP 2003000252-A/3.
SOURCE unidentified
ORGANISM unidentified
REFERENCE 1 (bases 1 to 2865)
AUTHORS Nishikawa, S. and Oeda, K.
TITLES Promotor and use thereof
JOURNAL Patent: JP 2003000252-A 3 07-JAN-2003;
SUMITOMO CHEMICAL CO LTD
COMMENT OS Daucus carota L. (carrot)
PN JP 2003000252-A/3
PD 07-JAN-2003
PF 31-MAY-2001 JP 2001164069
PI SATOMI NISHIKAWA, KENJI OEDA
PC C12N15/09, A01H5/00, C12N1/15, C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12N15/00, C12N5/00
CC Promotor and use thereof
FH Key Location/Qualifiers
FT promoter Location/Qualifiers
1. 2865
/organism="unidentified"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:32644"

ORIGIN
Query Match 7.9%; Score 162.4; DB 6; Length 2865;
Best Local Similarity 82.5%; Pred. No. 6.4e-16;
Matches 198; Conservative 0; Mismatches 41; Indels 1; Gaps 1;

QY 22 AGGCGCTGTTTGGTGAAGAGCAGAGCTGCTTCTGACTTCTTCTTTGACCTGT 81
DB 1716 AAGGCGCTGTTTGGTGAAGAGCAGAGCTGCTTCTGACTTCTTCTTTT -ACCCGT 1774
QY 82 TTGTATTAAGAGTAGAATATTTTAAAAAGCTGGAAATCACTTCTCTCTCAAC 141
DB 1775 TTGTGTAAAAAGCAGAACACTTTTAAAGGTGAAATGTAAGTTCTCTCTCAAC 1834
QY 142 TTCGCGTCTTTTCCAAACCTTATTAATTTTAACTTCTCATTTCTTACTTCACTTCT 201
DB 1835 TTCTGCTTTTCTTCCAAACCTTATTAATTTTAACTTCTCATTTCTCTGCTTCACTTCT 1894
QY 202 TTGCTATTAAGCAAGAAATCACTTCTTTTAACTTAACCCAAAGGCTCAATAAAGATCA 261
DB 1895 TTACTATTAAGCAAGAAATCACTTCTTTTAAATTAACCCAAAGGCTCAATAATTTGA 1954

RESULT 15
DARGCHS2 4886 bp DNA linear PLN 14-APR-2000
LOCUS DARGCHS2
DEFINITION Carrot gchs2 gene for chalcone synthase.
ACCESSION D16255
VERSION D16255.1 GI:441168
KEYWORDS chalcone synthase.
SOURCE Daucus carota (carrot)
ORGANISM Daucus carota
Bukariyola; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; campanulide; Apiales; Apiaceae; Apioidae; Scandiceae;
Daucinae; Daucus.
1 (bases 1 to 4886)
Ozeki, Y., Davies, E. and Takeda, J.
STRUCTURE and expression of chalcone synthase gene in carrot
suspension cultured cells regulated by 2,4-D
Plant Cell Physiol. 34, 1029-1037 (1993)
2 (bases 1 to 4886)
Ozeki, Y.
Direct Submission
Submitted (14-MAY-1993) Yoshihiro Ozeki, College of Arts and
Sciences, The University of Tokyo, Department of Biology, Komaba,
Meguro-ku, Tokyo 153, Japan (Tel:03-3467-1171(ex.253),

[illegible]

OY	301	GAAACGGGTATTTTTTTPAACGTCGAACAATTCTAATAATTTTACTGGCCGGTGAA	360
Db	301	GAAACGGGTATTTTTTTPAACGTCGAACAATTCTAATAATTTTACTGGCCGGTGAA	360
OY	361	CGGCTTCCAAGATATATATTTTAATTTGGAGCCGCCCTTTAACCAATTCCGANGC	420
Db	361	CGGCTTCCAAGATATATATTTTAATTTGGAGCCGCCCTTTAACCAATTCCGANGC	420
OY	421	AGGACGACTTAGTGAATACACATTTGACTGTGAGTCTTTTAAAACAAAGAACTGGTTC	480
Db	421	AGGACGACTTAGTGAATACACATTTGACTGTGAGTCTTTTAAAACAAAGAACTGGTTC	480
OY	481	ATGCTCAGCCATCAAATTTGACAAAACCCGACACACATCTATCCAGCTATATCTT	540
Db	481	ATGCTCAGCCATCAAATTTGACAAAACCCGACACACATCTATCCAGCTATATCTT	540
OY	541	TGGCGAATGCTTCCAAAAATGTTTTTATATGTAATATATGTCGCATCCAGAATAGT	600
Db	541	TGGCGAATGCTTCCAAAAATGTTTTTATATGTAATATATGTCGCATCCAGAATAGT	600
OY	601	AAAAATCCGTTTAAACAGTTTGTATATATATATGTTTACATTCACAAAGATATTCGT	660
Db	601	AAAAATCCGTTTAAACAGTTTGTATATATATATGTTTACATTCACAAAGATATTCGT	660
OY	661	AATATCTTTAGACACAAAGACTTAGTCAAAAATGGACGCTGGTAAACAGCTAGACT	720
Db	661	AATATCTTTAGACACAAAGACTTAGTCAAAAATGGACGCTGGTAAACAGCTAGACT	720
OY	721	TGGCACGTAATATAGTATTTTGTATGTAATATATATGTAATATGATCTCAATGACATTA	780
Db	721	TGGCACGTAATATAGTATTTTGTATGTAATATATATGTAATATGATCTCAATGACATTA	780
OY	781	ATTAGAGCTATTAATTAAGTTACTAATTAATAAGAGAGTTAGTAAACAGAAACAGTA	840
Db	781	ATTAGAGCTATTAATTAAGTTACTAATTAATAAGAGAGTTAGTAAACAGAAACAGTA	840
OY	841	AAAACAAGAGCTGCTGCTGTGTGTTTAAAGTTGTGAGTCAATTTCTTTAAAAGTATG	900
Db	841	AAAACAAGAGCTGCTGCTGTGTGTTTAAAGTTGTGAGTCAATTTCTTTAAAAGTATG	900
OY	901	TAACTGATCTAAAGACATAGAAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTTACAAGAAATTTATA	960
Db	901	TAACTGATCTAAAGACATAGAAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTTACAAGAAATTTATA	960
OY	961	TTAAACGAAATCATTTTATPAACATGCTCTCGGCTGTCAATTAATAGGATCACTTAC	1020
Db	961	TTAAACGAAATCATTTTATPAACATGCTCTCGGCTGTCAATTAATAGGATCACTTAC	1020
OY	1021	TGATCATTCATTAACCTGTGTTAAACAATTTCAAGATTAATAATCTTCANATGAA	1080
Db	1021	TGATCATTCATTAACCTGTGTTAAACAATTTCAAGATTAATAATCTTCANATGAA	1080
OY	1081	AAGAAGACATATGCTCTTTGAAAAAACAATAGTGTCTCCCTCCGCTCTGAAATGT	1140
Db	1081	AAGAAGACATATGCTCTTTGAAAAAACAATAGTGTCTCCCTCCGCTCTGAAATGT	1140
OY	1141	ATACATATGATTTGACACAGAGACTAAGAAAAATGTATAAGATATGTAGTAAAAAG	1200
Db	1141	ATACATATGATTTGACACAGAGACTAAGAAAAATGTATAAGATATGTAGTAAAAAG	1200
OY	1201	AAAGAGAAAGAAAGTGGGTAAAGTACGGGACCCCAATATATTAATGATAGATTTAG	1260
Db	1201	AAAGAGAAAGAAAGTGGGTAAAGTACGGGACCCCAATATATTAATGATAGATTTAG	1260
OY	1261	AAAAAGTATGAAGTATGAGTGGGTGGGATTTTTTATATATTAATAAAATTTACTATTTTG	1320
Db	1261	AAAAAGTATGAAGTATGAGTGGGTGGGATTTTTTATATATTAATAAAATTTACTATTTTG	1320
OY	1321	AGAAAGTTTTGAATGTATAGAAATGATGAGGACATCCATTAAGAAAGAAAGTGTATGAAAT	1380
Db	1321	AGAAAGTTTTGAATGTATAGAAATGATGAGGACATCCATTAAGAAAGAAAGTGTATGAAAT	1380

QY 1381 TAAATGGACAGAGGAGTAACTTATGATATATTAATTTTGTATTTGATTTC 1440
DB 1381 TAAATGGACAGAGGAGTAACTTATGATATATTAATTTTGTATTTGATTTC 1440
QY 1441 TAAATTTTAAATCTATGTTTAAATGATATATTAATTTTAAATATATCTATTAAT 1500
DB 1441 TAAATTTTAAATCTATGTTTAAATGATATATTAATTTTAAATATATCTATTAAT 1500
QY 1501 CTGATTTAGTCAATACCGCCCTTTTAAATTTTCAATCTAGTAAATGAAATTAATCAG 1560
DB 1501 CTGATTTAGTCAATACCGCCCTTTTAAATTTTCAATCTAGTAAATGAAATTAATCAG 1560
QY 1561 TTTATCTAAAGCAAAATATATCTTTGTAAACAGCGTCCGCTCAATGGAGTTCTAG 1620
DB 1561 TTTATCTAAAGCAAAATATATCTTTGTAAACAGCGTCCGCTCAATGGAGTTCTAG 1620
QY 1621 TGTATTCATATGTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTGTATTTGTTTCA 1680
DB 1621 TGTATTCATATGTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTGTATTTGTTTCA 1680
QY 1681 AATTTTAAATTAATTTTAAATGAGATGAGGAGTCAAGGAGATGATGAGACAGCTAG 1740
DB 1681 AATTTTAAATTAATTTTAAATGAGATGAGGAGTCAAGGAGATGATGAGACAGCTAG 1740
QY 1741 GTTTGACATGATATGTCGGGTGATCATCTATGACCTTTCAACTCAATGATGATAT 1800
DB 1741 GTTTGACATGATATGTCGGGTGATCATCTATGACCTTTCAACTCAATGATGATAT 1800
QY 1801 GCATTCATGATATCATCTTTTCAATTTCAACAAACAGCTTTTCACTTTCTTCAAG 1860
DB 1801 GCATTCATGATATCATCTTTTCAATTTCAACAAACAGCTTTTCACTTTCTTCAAG 1860
QY 1861 GATTGATCCCTTTTCTAACTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1920
DB 1861 GATTGATCCCTTTTCTAACTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1920
QY 1921 AACACCTCAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980
DB 1921 AACACCTCAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980
QY 1981 CACATCATCTTAAACCAACAACTTGAAGCTTAAATTTTCTACTTAACTTAACTTAACTTAA 2040
DB 1981 CACATCATCTTAAACCAACAACTTGAAGCTTAAATTTTCTACTTAACTTAACTTAACTTAA 2040
QY 2041 ATTCTAAATATC 2052
DB 2041 ATTCTAAATATC 2052

RESULT 3

AAA37964 ID AAA37964 standard; DNA; 2056 BP.
AAA37964;
18-AUG-2000 (first entry)
Plasmid #3 DNA sequence used in mutation of promoter sequence.
Carrot; promoter; terminator; transgenic plant; breeding; fertility; ds.
Daucus carota.
WO200020613-A1.
13-APR-2000.
28-SEP-1999; 99WO-JP005303.
02-OCT-1998; 98JP-00281124.
(SUMO) SUMITOMO CHEM CO LTD.
XX

PI Nishikawa S, Oeda K;
XX WPI; 2000-303791/26.
DR
XX
XX
PT New Plant promoters and terminators from Daucus carota L., useful in
PT plant breeding, for e.g. controlling fertilities of plants.
XX
PS Example 8; Page 74-76; 81pp; English.
CC This sequence represents a plasmid sequence used in a method for
CC introducing a mutation into a carrot promoter. The invention relates to
CC plant promoters and terminators from Daucus carota L. which are capable
CC of expressing a gene of interest in plants. The invention also includes a
CC chimeric gene characterized in that it comprises the promoter and a
CC desired gene linked to each other in the form capable of functioning. A
CC method of producing a transformant comprises introducing the promoter,
CC or the chimeric gene or a vector comprising the promoter and a desired
CC terminator sequence into a host cell. The plant promoters and
CC terminators are useful in plant breeding, for e.g. fertilities of plants
CC may be controlled by expressing, in the host cells, a sense or antisense
CC gene of a male sterility related gene such as S-locus-specific RNase gene
SQ Sequence 2056 BP; 737 A; 319 C; 318 G; 682 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 99.2%; Score 2034.8; DB 3; Length 2056;
Best Local Similarity 99.7%; Pred. No. 0;
Matches 2050; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 4; Gaps 1;
QY 1 CATGTGTCCTTACAGACATAGGCTGTTGGTGAAGAGCAAGAGCTGCTTCTGA 60
DB 1 CATGTGTCCTTACAGACATAGGCTGTTGGTGAAGAGCAAGAGCTGCTTCTGA 60
QY 61 CTCTCTCTCTTGTGACCTGTTGTAAAGAGTAAATTTTAAAGCTGCGAA 120
DB 61 CTCTCTCTCTTGTGACCTGTTGTAAAGAGTAAATTTTAAAGCTGCGAA 120
QY 121 TACTAATCTCTCTGACCACTTCCGCTTCTTCCAAACACTTTATTAATCTTTTACT 180
DB 121 TACTAATCTCTCTGACCACTTCCGCTTCTTCCAAACACTTTATTAATCTTTTACT 180
QY 181 TCTCATTTCTACTCCACTCTTGTGATAGAGAAATCACTCTTTTAAGCTAACCA 240
DB 181 TCTCATTTCTACTCCACTCTTGTGATAGAGAAATCACTCTTTTAAGCTAACCA 240
QY 241 AAGGCTCAATTAAGATCATTAATATGATCTTCAATTTTGAATTAACAATAGT 300
DB 241 AAGGCTCAATTAAGATCATTAATATGATCTTCAATTTTGAATTAACAATAGT 300
QY 301 GAACAGGTTATTTTAAAGCTGACAAATTTCAATTTTAACTGCGGTGAACA 360
DB 301 GAACAGGTTATTTTAAAGCTGACAAATTTCAATTTTAACTGCGGTGAACA 360
QY 361 CCGTCTTCCAGATATATTTTAAATTTTAACTGCGGTGAACA 420
DB 361 CCGTCTTCCAGATATATTTTAAATTTTAACTGCGGTGAACA 420
QY 421 AGACGACTTGAATATACATTTGATGCTGCTTTAAACAAAGAAAGTGGTTC 480
DB 421 AGACGACTTGAATATACATTTGATGCTGCTTTAAACAAAGAAAGTGGTTC 480
QY 481 ATGCTCAGCATCAAAATTTGACAAACCGACACAACTATGACGATGATCTT 540
DB 481 ATGCTCAGCATCAAAATTTGACAAACCGACACAACTATGACGATGATCTT 540
QY 541 TGCGCGAATGCTTCAAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 600
DB 541 TGCGCGAATGCTTCAAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 600
QY 601 AAAATTTCCGTTTAAACAGTTTGTATATATATTTTAACTTACAGAGGATATTCGT 660
DB 601 AAAATTTCCGTTTAAACAGTTTGTATATATATTTTAACTTACAGAGGATATTCGT 660
QY 661 AATACCTTTTGAAGACAGAGCTTATGTCAAAATTTGACGCTGTTAAACAGCTTACT 720

```

Db      ||| 720
Qy      ||| 780
Db      ||| 780
Qy      ||| 840
Db      ||| 900
Qy      ||| 960
Db      ||| 1020
Qy      ||| 1080
Db      ||| 1080
Qy      ||| 1140
Db      ||| 1140
Qy      ||| 1200
Db      ||| 1260
Qy      ||| 1320
Db      ||| 1380
Qy      ||| 1440
Db      ||| 1440
Qy      ||| 1500
Db      ||| 1560
Qy      ||| 1620
Db      ||| 1680
Qy      ||| 1740
Db      ||| 1800

```

```

Db      1741 GTTGAACAATGTATGTCGGGTGTACATCTATGACCTTCAACTCAACTAGTAAT 1800
Qy      1801 GCATT-----CTAATAATCATCTTTTCAAAATTTCAACAAACAGAGCTTTAAGCTTTTC 1856
Db      1801 GCATTCTAGCTAGATACATCTTTTCAAAATTTCAACAAACAGAGCTTTTCTTTTC 1860
Qy      1857 AACGATTTGGAATCCCTTTCTAACTTTTAAATTTAAATTTAAATTTGTAATAT 1916
Db      1861 AAGGATTTGGAATCCCTTTCTAACTTTTAAATTTAAATTTAAATTTGTAATAT 1920
Qy      1917 TATCAACACCTCAACATTGATGTAGCGTACTATTAATATGAGTCTTGTGCTCTACTA 1976
Db      1921 TATCAACACCTCAACATTGATGTAGCGTACTATTAATATGAGTCTTGTGCTCTACTA 1980
Qy      1977 TCATCAATCAATCTTTACACCAACCTTGAGCTTAATTTTCTACTATCTCAGCA 2036
Db      1981 TCATCAATCAATCTTTACACCAACCTTGAGCTTAATTTTCTACTATCTCAGCA 2040
Qy      2037 TAACATTTCAATATTC 2052
Db      2041 TCATCAATTTAAAGATC 2056

RESULT 4
AAA37962
ID AAA37962 standard; DNA; 2048 BP.
XX
AC AAA37962;
XX
DT 18-AUG-2000 (fixet entry)
XX
DE Plasmid #1 DNA sequence used in mutation of promoter sequence.
XX
KW Carrot; promoter; terminator; transgenic plant; breeding; fertility; ds.
XX
OS Daucus carota.
XX
PN MO200020613-A1.
XX
PD 13-APR-2000.
XX
PF 28-SEP-1999; 99WO-JP005303.
XX
PR 02-OCT-1998; 98UP-00281124.
XX
PA (SUMO ) SUMITOMO CHEM CO LTD.
XX
PI Nishikawa S, Oeda K;
XX
DR WPI; 2000-303791/26.
XX
PT New Plant promoters and terminators from Daucus carota L., useful in
PT plant breeding, for e.g. controlling fertilities of plants.
XX
PS Example 8; Page 71-73; 81pp; English.
XX
CC This sequence represents a plasmid sequence used in a method for
CC introducing a mutation into a carrot promoter. The invention relates to
CC plant promoters and terminators from Daucus carota L. which are capable
CC of expressing a gene of interest in plants. The invention also includes a
CC chimeric gene characterized in that it comprises the promoter and a
CC desired gene linked to each other in the form capable of functioning. A
CC method of producing a transformant comprises introducing the promoter,
CC the chimeric gene or a vector comprising the promoter and a desired gene
CC or terminator sequence into a host cell. The plant promoters and
CC terminators are useful in plant breeding, for e.g. fertilities of plants
CC may be controlled by expressing, in the host cells, a sense or antisense
CC gene of a male sterility related gene such as S-locus-specific RNase gene
XX
SQ Sequence 2048 BP; 735 A; 317 C; 316 G; 680 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 99.0%; Score 2030.8; DB 3; Length 2048;
Best Local Similarity 99.7%; Pred. No. 0;

```

Matches 2046; Conservative 0; Mismatches 2. Indol

QY	1	CATGTGTCCTTA	CAGACATAGAGGCGCTGTGGTGAAGAGACAGAACTGCTTGA	60
Db	1	CATGTGTGCTTA	CAGACATAGAGGCGCTGTGGTGAAGAGACAGAACTGCTTGA	60
QY	61	CTTCTCTCTCTT	TACACCTGGTTGTATTAAGAGTGAATAATTTTTTAAAGCTGGGAA	120
Db	61	CTTCTCTCTCTT	TACACCTGGTTGTATTAAGAGTGAATAATTTTTTAAAGCTGGGAA	120
QY	121	TACTAATCTTCT	CTCACAACCTTCGGTCTCTTTTCCAAACCTTATTAAGCTTTTACT	180
Db	121	TACTAATCTTCT	CTCACAACCTTCGGTCTCTTTTCCAAACCTTATTAAGCTTTTACT	180
QY	181	TCGTATTTCTA	CTCCACTTCTTGGCTTAAGACAAATACTCTTTTAAGCTAACCA	240
Db	181	TCGTATTTCTA	CTCCACTTCTTGGCTTAAGACAAATACTCTTTTAAGCTAACCA	240
QY	241	AACGGCCCTCA	ATAAATAATCATTCATATATGTATCTTTCATTTTGAATTAACAATAGCT	300
Db	241	AACGGCCCTCA	ATAAATAATCATTCATATATGTATCTTTCATTTTGAATTAACAATAGCT	300
QY	301	GAACAGGGTTA	TATTTTAAAGTGCACAAATTCATTAATTTTAACTGGCCGTGAACA	360
Db	301	GAACAGGGTTA	TATTTTAAAGTGCACAAATTCATTAATTTTAACTGGCCGTGAACA	360
QY	361	CCGCTTCCAA	GTATATATTTTAAATTTTGTAGCCTCCCTTTTAAACCAATTCGCATGC	420
Db	361	CCGCTTCCAA	GTATATATTTTAAATTTTGTAGCCTCCCTTTTAAACCAATTCGCATGC	420
QY	421	AGGACGCTTA	GGTGAATACATATGTACTGATGCTCTTAAACAAATAAACAATGGTTC	480
Db	421	AGGACGCTTA	GGTGAATACATATGTACTGATGCTCTTAAACAAATAAACAATGGTTC	480
QY	481	ATGCTCAGCCAT	CAAAATTTGACAAACCCGACACAACCTATTCACGTATTAATCTTT	540
Db	481	ATGCTCAGCCAT	CAAAATTTGACAAACCCGACACAACCTATTCACGTATTAATCTTT	540
QY	541	TGGCGGAAAT	GCCTCCAAATATGTTTTTATATGTAAATATATAGCCATCCAGAGATAGT	600
Db	541	TGGCGGAAAT	GCCTCCAAATATGTTTTTATATGTAAATATATAGCCATCCAGAGATAGT	600
QY	601	AAAATTCGGT	TTAACCAAGTTTGTATATATATATATGTTTACCTTAACAAGAGATATTCGT	660
Db	601	AAAATTCGGT	TTAACCAAGTTTGTATATATATATATGTTTACCTTAACAAGAGATATTCGT	660
QY	661	AATACCTTTGA	CGACAGAGACTTGAAGTCAAAAATGACGCTGTAAACAGCTTAGACT	720
Db	661	AATACCTTTGA	CGACAGAGACTTGAAGTCAAAAATGACGCTGTAAACAGCTTAGACT	720
QY	721	TGCTCCTGTA	TAATAGATTAATGTAGTATATATATAGAGATCTAACATGAATCTTAA	780
Db	721	TGCTCCTGTA	TAATAGATTAATAGTATATATATATATAGAGATCTAACATGAATCTTAA	780
QY	781	ATTAGAGCTA	TATTAATTAAGTACTAATTAAGAGAGGTTATAGTAAACAGAAAGAGTA	840
Db	781	ATTAGAGCTA	TATTAATTAAGTACTAATTAAGAGAGGTTATAGTAAACAGAAAGAGTA	840
QY	841	AAAAACAAGCT	TGCTGCTGCTGTGTTATGTTGTGTGCTCAATTTCTTTTAAAGTATG	900
Db	841	AAAAACAAGCT	TGCTGCTGCTGTGTTATGTTGTGTGCTCAATTTCTTTTAAAGTATG	900
QY	901	TAAATCTGAT	CTTAAGACATAGAAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTTAAAGAAATTTATA	960
Db	901	TAAATCTGAT	CTTAAGACATAGAAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTTAAAGAAATTTATA	960
QY	961	TTAAACGAAAT	CAATTTTATACATATGCTCGGCTGTCAATTAATATAGGATCACTTAC	1020
Db	961	TTAAACGAAAT	CAATTTTATACATATGCTCGGCTGTCAATTAATATAGGATCACTTAC	1020
QY	1021	TGATCAATCCAT	TTAAACCTTGTAAACAAATTCATATGATTAATAATCTTACATATGA	1080
Db	1021	TGATCAATCCAT	TTAAACCTTGTAAACAAATTCATATGATTAATAATCTTACATATGA	1080
QY	1076	TGATCAATCCAT	TTAAACCTTGTAAACAAATTCATATGATTAATAATCTTACATATGA	1076
Db	1076	TGATCAATCCAT	TTAAACCTTGTAAACAAATTCATATGATTAATAATCTTACATATGA	1076

QY	1081	AAAGAGGACAAATGCTCTTTGAAAAA	CAAAATAGTACTCCCTCGCTCGAAATGCT	1140
Db	1077	AAAGAGGACAAATGCTCTTTGAAAAA	CAAAATAGTACTCCCTCGCTCGAAATGCT	1136
QY	1141	ATACATATGATTTGGACACGGACCTA	AGAAAAATGTAATAAGTAATGTAGAAAAAG	1200
Db	1137	ATACATATGATTTGGACACGGACCTA	AGAAAAATGTAATAAGTAATGTAGAAAAAG	1196
QY	1201	AAAGGAAAGAAAAGTGGTAAAGTAC	CGGACCAACAATATATATGATGATTTAG	1260
Db	1197	AAAGGAAAGAAAAGTGGTAAAGTAC	CGGACCAACAATATATATGATGATTTAG	1256
QY	1261	AAAAGTATGAAAGTGGTGGGGGATTT	TATATATATAAAATTTACTATTTTG	1320
Db	1257	AAAAGTATGAAAGTGGTGGGGGATTT	TATATATATAAAATTTACTATTTTG	1316
QY	1321	AGAAAGTTTGAATGTATATGAATTA	AGTGGACATCCATAAAGGAAAGTATAGAT	1380
Db	1317	AGAAAGTTTGAATGTATATGAATTA	AGTGGACATCCATAAAGGAAAGTATAGAT	1376
QY	1381	TAAATGGGACAGAGGAGTATACCTTA	TGATATATATAATTTGTTATTTGATTTCA	1440
Db	1377	TAAATGGGACAGAGGAGTATACCTTA	TGATATATATAATTTGTTATTTGATTTCA	1436
QY	1441	TAAATTTATTAATCTATGTTATTA	TATATGAATATATATTTTAAATAATTAACATATTAAT	1500
Db	1437	TAAATTTATTAATCTATGTTATTA	TATATGAATATATATTTTAAATAATTAACATATTAAT	1496
QY	1501	CTGATTAGTCGATTCACGCTTTTATA	TTTATCAATCTAGTAATATGAATTAATCAG	1560
Db	1497	CTGATTAGTCGATTCACGCTTTTATA	TTTATCAATCTAGTAATATGAATTAATCAG	1556
QY	1561	TTATCTGAAAAAGCAATTAATCTTT	GTAAAAACGCTGGTCAAAATGGGAAGTTCAAG	1620
Db	1557	TTATCTGAAAAAGCAATTAATCTTT	GTAAAAACGCTGGTCAAAATGGGAAGTTCAAG	1616
QY	1621	TGTAATCAATAGTTTAAATATAATA	AGTAATTTTAAATTTATGTTATTTGTTTCA	1680
Db	1617	TGTAATCAATAGTTTAAATATAATA	AGTAATTTTAAATTTATGTTATTTGTTTCA	1676
QY	1681	AAATTAATAATTAATTTATTTAGCA	TGCGAATGTCACGGGATCAATGAGCAGACTAGAT	1740
Db	1677	AAATTAATAATTAATTTATTTAGCA	TGCGAATGTCACGGGATCAATGAGCAGACTAGAT	1736
QY	1741	GTTTGAACAATGTATGTCCGGTGTAC	ATATAGTACTTCAACTCAACTCAAACTAGTGAATAT	1800
Db	1737	GTTTGAACAATGTATGTCCGGTGTAC	ATATAGTACTTCAACTCAACTCAAACTAGTGAATAT	1796
QY	1801	GCATTTCAAGAAATTCATCTTTTCAA	ATTTCMAATTTCCMAATTTTCAACG	1860
Db	1797	GCATTTCAAGAAATTCATCTTTTCAA	ATTTCMAATTTTCAACGATTTTCTTTTCAACG	1856
QY	1861	GATTGGAATCTTTTCTAAACTTTTAA	ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1920
Db	1857	GATTGGAATCTTTTCTAAACTTTTAA	ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1916
QY	1921	AAACCTCAACATTTGATGTTAGCGTA	CTATATAATAGTGCTCTTGAGTCTCTACAT	1980
Db	1917	AAACCTCAACATTTGATGTTAGCGTA	CTATATAATAGTGCTCTTGAGTCTCTACAT	1976
QY	1981	CACATCAATTTTAAACCAACAACCT	TTAGCTTAATTTTCTACTATTTCTGACCAATAC	2040
Db	1977	CACATCAATTTTAAACCAACAACCT	TTAGCTTAATTTTCTACTATTTCTGACCAATAC	2036
QY	2041	ATTCATAAATATC 2052		
Db	2037	ATTCATAAATATC 2048		

RESULT 5	
AAA37963	
ID	AAA37963 standard; DNA; 2048 BP.

XX	AAA37963;
AC	18-AUG-2000 (first entry)
XX	Plasmid #2 DNA sequence used in mutation of promoter sequence.
DT	Carrot; promoter; terminator; transgenic plant; breeding; fertility; de.
XX	Daucus carota.
XX	MO200020613-A1.
XX	13-APR-2000.
XX	28-SEP-1999; 99WO-JP005303.
XX	02-OCT-1998; 98JP-00281124.
XX	(SUMO) SUMITOMO CHEM CO LTD.
XX	Nishikawa S, Oeda K;
XX	WPI; 2000-303791/26.
XX	New plant promoters and terminators from Daucus carota L., useful in
XX	plant breeding, for e.g. controlling fertilities of plants.
XX	Example 8; Page 73-74; 81bp; English.
XX	This sequence represents a plasmid sequence used in a method for
XX	introducing a mutation into a carrot promoter. The invention relates to
XX	plant promoters and terminators from Daucus carota L. which are capable
XX	of expressing a gene of interest in plants. The invention also includes a
XX	chimeric gene characterized in that it comprises the promoter and a
XX	desired gene linked to each other in the form capable of functioning. A
XX	method of producing a transformant comprises introducing the promoter,
XX	the chimeric gene or a vector comprising the promoter and a desired gene
XX	or terminator sequence into a host cell. The plant promoters and
XX	terminators are useful in plant breeding, for e.g. fertilities of plants
XX	may be controlled by expressing, in the host cells, a sense or antisense
XX	gene of a male sterility related gene such as S-locus-specific RNase gene
XX	Sequence 2048 BP; 735 A; 317 C; 316 G; 680 T; 0 U; 0 Other;
XX	Query Match 99.0%; Score 2030.8; DB 3; Length 2048;
XX	Best Local Similarity 99.7%; Pred. No. 0;
XX	Matches 2046; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 4; Gaps 1
QY	1 CATGTGTGCCCCATACAGCATATAGGCGCTTTGGTTAGAGAGAGAGAACTCTCTGA 60
DB	1 CATGTGTGCCCCATACAGCATATAGGCGCTTTGGTTAGAGAGAGAGAACTCTCTGA 60
QY	61 CTTCTTCTCTTTTGACCTGTGTTGATTAAGATGAGAAATTTTAAAAAGCTGCGAA 120
DB	61 CTTCTTCTCTTTTGACCTGTGTTGATTAAGATGAGAAATTTTAAAAAGCTGCGAA 120
QY	121 TACTTAACCTTCTCTCAGCAACTTCGCGCTTTCTTTCCAAACATTATTAACCTTTTACT 180
DB	121 TACTTAACCTTCTCTCAGCAACTTCGCGCTTTCTTTCCAAACATTATTAACCTTTTACT 180
QY	181 TCTCATTTCTTACTCCACTCTCTTGGCTATTAAGCAAGAAATCTCTTTTAAGCTAACCA 240
DB	181 TCTCATTTCTTACTCCACTCTCTTGGCTATTAAGCAAGAAATCTCTTTTAAGCTAACCA 240
QY	241 AAGCGCCTCAATAAAGATCAATCAATATGATCTTTCAATTTAGATTAACAATAGT 300
DB	241 AAGCGCCTCAATAAAGATCAATCAATATGATCTTTCAATTTAGATTAACAATAGT 300
QY	301 GAACAGGGTTATTTTAAAGTGTCAACAATTCATTAATTTTACCTGGCCGGTGAACA 360
DB	301 GAACAGGGTTATTTTAAAGTGTCAACAATTCATTAATTTTACCTGGCCGGTGAACA 360

QY	361	CCGCTTC	CCAAAGTAATATATTTTAAATTTTGTAAGCCCTCCCTTTAAACAAATTCGACATG	420
Db	361	CCGCTTC	CCAAAGTAATATATTTTAAATTTTGTAAGCCCTCCCTTTAAACAAATTC	416
QY	421	AGACGAC	CTTAGAGGGAATACACATTTGTACTGTGAGTCTTTTAAACAAAGAACATGTGTTCC	480
Db	417	AGACGAC	CTTAGAGGGAATACACATTTGTACTGTGAGTCTTTTAAACAAAGAACATGTGTTCC	476
QY	481	ATGCTGAC	CCATCAAAATTTGACAAAAACCGGACACACACTCTATCCAGTACTATCTTT	540
Db	477	ATGCTGAC	CCATCAAAATTTGACAAAAACCGGACACACACTCTATCCAGTACTATCTTT	536
QY	541	TGCGCGAAT	GCTTCTCAAAATGTTTTTATATATGTAATAATATGCCCATCCAGAGTAAGT	600
Db	537	TGCGCGAAT	GCTTCTCAAAATGTTTTTATATATGTAATAATATGCCCATCCAGAGTAAGT	596
QY	601	AAAATTC	CCCGTTTAAACAGTTTGTATATATATATGTTTACACTTACAGAGAAATATTCGT	660
Db	597	AAAATTC	CCCGTTTAAACAGTTTGTATATATATATGTTTACACTTACAGAGAAATATTCGT	656
QY	661	AATACTTT	AGACGACAGAGACTTAAAGTCAAAAATGSAACGCTGTAAACAGCCTAGACT	720
Db	657	AATACTTT	AGACGACAGAGACTTAAAGTCAAAAATGSAACGCTGTAAACAGCCTAGACT	716
QY	721	TGCTCACT	GAATTAATAGATATATTTGTAATATATATGTAATATGTAATCTCAATGACATTAAA	780
Db	717	TGCTCACT	GAATTAATAGATATATTTGTAATATATGTAATATGTAATCTCAATGACATTAAA	776
QY	781	ATTAGAC	CTATTAATTAAGTTCCTAATAATAATTAAGAGGTTAGTAAACAGAAAGCAGSTA	840
Db	777	ATTAGAC	CTATTAATTAAGTTCCTAATAATAATTAAGAGGTTAGTAAACAGAAAGCAGSTA	836
QY	841	AAAACA	GAGACTCTGCTGCTGTGTGTAGTGTGTGAGCTCAATTCCTTTAAAAGTATG	900
Db	837	AAAACA	GAGACTCTGCTGCTGTGTGTGTAGTGTGTGAGCTCAATTCCTTTAAAAGTATG	896
QY	901	TAAATCT	GAATTAAGACACATAGAAATTTAGTACAGGTTAAAACCTTTTACAAGATTTATA	960
Db	897	TAAATCT	GAATTAAGACACATAGAAATTTAGTACAGGTTAAAACCTTTTACAAGATTTATA	956
QY	961	TTTAAAC	CAAAATCAATTTTATTAACATGCTCTCGGCTGCTCAATTAATAAGGATCACCTAC	1020
Db	957	TTTAAAC	CAAAATCAATTTTATTAACATGCTCTCGGCTGCTCAATTAATAAGGATCACCTAC	1016
QY	1021	TGATCAT	CCCATTTAAAACCTTGTTTAAAACAATTCATAGATATAAATATCTTACAATGAA	1080
Db	1017	TGATCAT	CCCATTTAAAACCTTGTTTAAAACAATTCATAGATATAAATATCTTACAATGAA	1076
QY	1081	AAGAAG	ACATATCTCTTTGAAAAAAACAATATAGTACTCCCTCCGCTCCCTCTGAAATGT	1140
Db	1077	AAGAAG	ACATATATCTCTTTGAAAAAAACAATATAGTACTCCCTCCGCTCCCTCTGAAATGT	1136
QY	1141	ATACAT	TATGATTTGGAACACGGAACCTTAAGAAAAATGTATTAAGTATGTAGAGTAAAAAG	1200
Db	1137	ATACAT	TATGATTTGGAATTTGGAACACGGAACCTTAAGAAAAATGTATTAAGTATGTAGAGTAAAAAG	1196
QY	1201	AAAAGAA	AAAAAGTGGTAAAGTATAGTACGGGACCCACCAATATATATAATGATGATTTAG	1260
Db	1197	AAAAGAA	AAAAAGTGGTAAAGTATAGTATAGTATAGTATAGTATAGTATAGTATAGTATAG	1256
QY	1261	AAAAGT	AGTTGAAGTATGAGTGGGTGGGATTTTATATATATATAAATTTTACTATTTTG	1320
Db	1257	AAAAGT	AGTTGAAGTATGAGTGGGTGGGATTTTATATATATATAAATTTTACTATTTTG	1316
QY	1321	AGAAAG	TTTGAATGTATATGAAATTTGATGTGGACATTCATAAAAGAAAGTGTATAGAT	1380
Db	1317	AGAAAG	TTTGAATGTATATGAAATTTGATGTGGACATTCATAAAAGAAAGTGTATAGAT	1376
QY	1381	TAAATGG	ACAGAGGGAGTAAATCCTTTATGATATATATAATTTTGTATATTTGATTTCA	1440
Db	1377	TAAATGG	ACAGAGGGAGTAAATCCTTTATGATATATATAATTTTGTATATTTGATTTCA	1436
QY	1441	TAAAGT	ATATATAATCTATATGATATATATATATATATTTTAAAAATATATCTATATATTT	1500

CC The present sequence represents a novel promoter, and is isolated from
CC the roots of carrots, cultivar Kuroda Goshu. The promoter can be used to
CC direct root-specific expression in plant cells. Since the promoter
CC enables expression of a desired protein in the roots of a plant, it is
CC useful in combat against pathogenic soil fungi and pests which are
CC difficult to kill by chemicals. It can also be used to improve the
CC nutritive value of edible root plants

Sequence 2042 BP; 719 A; 356 C; 323 G; 644 T; 0 U; 0 Other

Query Match	11.7%	Score 239.6;	DB 2;	Length 2042;
Best Local Similarity	72.6%	Pred. No. 8.7e-35;		
Matches 366;	Conservative	0;	Mismatches 129;	Indels 9;
				Gaps 4

1554 AATCAGTTATCTGAAAGCAAATAATATCTTTGTAACAGCG---TTCCGTCAAATG 1609

1543 AAATTATTATCTGAATGATAACATCTTTGTAAACAAACCTGGCCAAATAGGACCATTA 1602

D6
-----CGAGTTCACGCTAATTTAAATTAATTGTATT 1603

[illegible]

Db 1661 ATAAGTTAATCTTCATCATTACTTAAATTGGACATTATGGCACTTATGCC 1720

1721 AGACATGAGCTGTGAACAATGTATGTCCGGTGTGCATTCATTATGACTTTCAACTCAAC 1789

1790 TAGTGAAT-AATGCACTTCGAAATACATCTTTTCAATTTTCAAGATTTTCAAGTAACTCAAGC 1780

Db

1781 TAGCAGTGAATGCTTTAGAAATATCTTTGAATTCACACACAGACCTACT 1840

1849 TTCTCTTCAACGATTTGAATCCTTTCTAACTTTTAAACTTTTAAATAAAAAATGCATTATT 1908

1894 IIICITTTTAAACAGATTAGATCGTTTCGTAACCTTTAAAATT--AAAAATACACTTACT 1898

1909 GTAATATTTTTATCAACAACCAAATC-----GGGAAGGTTAAGAAGGTTTGTCTT 1913

1899 ATATATTTATCAACCTCAATTCATGTTAGCGTACTATAATAGCTCTCTTGGTG 1968

1969 CTTACTATCATCATCATCTTACACCAACCTTGAGCTTAATTTTCTACTTAAT 2028

1959 CTTACTATCATCACAATCTTCCAGCACAAACCTTGAGCTTAATCTTTCTACATAAT 2018

[illegible][illegible]

D AAV15143 standard. DMN. 247 nm

AAV15143; C C X

02-JUL-1998 (first entry)

ABSTRACT New promoter used for root-specific expression in plants.

plant cell; soil pathogen; improve; nutritive value; edible root plant; ss.

Daucus carota.

PN EP824150-A2.
XX
PD 18-FEB-1998.
XX
PF 12-AUG-1997; 97EP-00113923.
XX
PR 12-AUG-1996; 96JP-00212680.
XX
PA (SUMO) SUMITOMO CHEM CO LTD.
XX
PI Torikata S, Oeda K;
XX WPI; 1998-122310/12.
DR
XX
PT New carrot root gene, promoter and terminator - useful in genetic
PT engineering for directing root-specific gene expression.
XX
PS Claim 1; Page 14; 31pp; English.
XX
CC The present sequence represents a novel promoter, and is isolated from
CC the roots of carrots, cultivar Kuroda Goshun. The promoter can be used to
CC direct root-specific expression in plant cells. Since the promoter
CC enables expression of a desired protein in the roots of a plant, it is
CC useful in combat against pathogenic soil fungi and pests which are
CC difficult to kill by chemicals. It can also be used to improve the
CC nutritive value of edible root plants
XX
SQ Sequence 247 BP; 88 A; 50 C; 21 G; 88 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 9.6%; Score 196.6; DB 2; Length 247;
Best Local Similarity 89.6%; Pred. No. 5.8e-27;
Matches 223; Conservative 0; Mismatches 24; Indels 2; Gaps 1;

QY 1804 TTCTAGAAATACATCTTTTCAAAATTTCAACAAACAGCTTTAACTTTCTTTCAACGGAT 1863
DB 1 TTCTAGAAATACATCTTTTGAATTTCAACAAACAGCACTAACTTTCTTTTAAACAGAT 60
QY 1864 TGGAAATCCTTTTCTAACTTTTAAATTAATAAATGATTAATGTAATATTATTCAC 1923
DB 61 TGAATCGTTTCTTAACCTTTTAAATTT-AAAAATACATTACTAATTAATTATTCAC 118
QY 1924 ACCTCAACATTTGATTTAGCGTACTAATAATAGTCTCTTGCTCTACTATCATCAC 1983
DB 119 ACCTCAACATTTGATTTAGCGTACTAATAATAGTCTCTTGCTCTACTATCATCAC 178
QY 1984 ATCAATCTTACACCAAACTTGAGCTTAATTTTCTACTTATTCAGCAATTAACATT 2043
DB 179 ATCAATCTTCCAGCAAACTTGAGCTTAATCTTCTACTAATTTTGACAAAACATT 238
QY 2044 CTTAAATATC 2052
DB 239 CTAAAGGTC 247

RESULT 8
AAZ49611
ID AAZ49611 standard; DNA; 246 BP.

XX AAZ49611;
XX
AC
XX
DT 07-APR-2000 (first entry)
XX
DE Carrot CR16.3 fragment for synthesis of plant promoter.
XX
XX Synthetic DNA; plant promoter; CR16.3 fragment; carrot; transgenic plant;
KW soybean glycinin; stearyl-ACP-desaturase gene;
XX male sterility-related gene; ds.
XX
OS Daucus carota.
XX
PN EP976832-A2.
XX
PD 02-FEB-2000.

XX
XX 13-JUL-1999; 99EP-00113732.
XX
XX 15-JUL-1998; 98JP-00200372.
XX
PA (SUMO) SUMITOMO CHEM CO LTD.
XX
PI Iehige F, Nishikawa S, Oeda K;
XX WPI; 2000-128374/12.
DR
XX
PT Novel promoter used to produce transgenic plants with higher expression
PT of a desired gene.
XX
PS Claim 1; Page 11-12; 24pp; English.
XX
CC The present sequence is a CR16.3 fragment from carrot genomic DNA. It is
CC used for synthesis of a plant promoter which comprises nucleotides 112-
CC 246, 54-246, or 1-246 of this sequence and a synthetic DNA. The promoter
CC is used for controlling the expression of a desired gene e.g. soybean
CC glycinin, stearyl-ACP-desaturase and S-locus type specific RNase gene
CC (male sterility-related gene) in a host cell especially a microorganism
CC or a plant cell. The transformed plant cells can be used to produce
CC transgenic plants. The promoter is compact and therefore suitable for
CC higher expression of a desired gene in a particular tissue compared to
CC other host tissues
XX
SQ Sequence 246 BP; 88 A; 50 C; 21 G; 87 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 9.5%; Score 195.6; DB 3; Length 246;
Best Local Similarity 89.5%; Pred. No. 8.9e-27;
Matches 222; Conservative 0; Mismatches 24; Indels 2; Gaps 1;

QY 1805 TCTAGAAATACATCTTTTCAAAATTTCAACAAACAGCTTTAACTTTCTTTCAACGGATT 1864
DB 1 TCTAGAAATACATCTTTTGAATTTCAACAAACAGCACTAACTTTCTTTTAAACAGATT 60
QY 1865 GGAATCCTTTTCTAACTTTTAAATTAATAAATGATTAATGTAATATTATTCAC 1924
DB 61 AGAATCGTTTCTTAACCTTTTAAATTT-AAAAATACATTACTAATTAATTATTCAC 118
QY 1925 CCTCAACATTTGATTTAGCGTACTAATAATAGTCTCTTGCTCTACTATCATCAC 1984
DB 119 CCTCAACATTTGATTTAGCGTACTAATAATAGTCTCTTGCTCTACTATCATCAC 178
QY 1985 TCAATCTTACACCAAACTTGAGCTTAATTTTCTACTTATTCAGCAATTAACATT 2044
DB 179 TCAATCTTCCAGCAAACTTGAGCTTAATCTTCTACTAATTTTGACAAAACATT 238
QY 2045 TAAATATC 2052
DB 239 TAAAGGTC 246

RESULT 9
ADP07499
ID ADP07499 standard; DNA; 196 BP.

XX ADP07499;
XX
AC
XX
DT 29-JUL-2004 (first entry)
XX
DE Carrot DNA.
XX
XX Carrot; gene; ds; expression inducing promoter;
KW transcription start point; RNA polymerase II.
XX
OS Daucus carota.
XX
PN JP2004135597-A.
XX
PD 13-MAY-2004.

WPI; 2003-472920/45.

Disclosure; SEQ ID NO 3; 16pp; Japanese.

CC promoter. Specifically, it refers to promoter sequences derived from
CC plant DNA, preferably carrot, and functional mutants thereof that can be

CC used as expression inducers. Furthermore, the present invention describes
CC DNA, vectors, transformants and the process by which to prepare
CC transformants. This polynucleotide sequence is DNA encoding a carrot
CC promoter (segid 3) of the invention.

XX Sequence 2865 BP; 963 A; 461 C; 396 G; 1045 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 7.9%; Score 162.4; DB 10; Length 2865;
Best Local Similarity 82.5%; Pred. No. 1.5e-20;
Matches 198; Conservative 0; Mismatches 41; Indels 1; Gaps 1;

QY 22 AGGCGCTGTTTGGTGAAGAGCAGAACCTGCTTGACTTCTTCTTTGACCTGT 81

DB 1716 AGGGCGCTGTTTGTATGAAATCAGAACTGCTTGACTTCTGCTTTTTC -ACCGT 1774

QY 82 TTGTATTAAGAGTAAATATTTTAAAAAGCTGGAGTACTTAATCTTCTCTCAAC 141

DB 1775 TTGTGTAAAAAGAGAACACTTTTAAAGAGCTGAGAAATGCTTCTCTCAAC 1834

QY 142 TTCCGCTTCTTCCAAACACTTATTAATCTTTTACTTCTCATTTCTACTCACTTCT 201

DB 1835 TTCTGCTTCTTTTCCAAACACTTATTAATCTTCTCACTTCTGCTTCACTTCT 1894

QY 202 TTGCTATTAAGAGAAATCACTTCTTTAAGCTAACCCAAAGCGCTCAATTAAGATCA 261

DB 1895 TTACTATTAAGAGAAAGTCAATCTTTTAAATTAACCCAAAGCGCCCTTAAGTAATTGA 1954

RESULT 12

AAZ49616/C
ID AAZ49616 standard; DNA; 140 BP.

XX AAZ49616;

DT 07-APR-2000 (first entry)

DE Oligonucleotide-4 for synthesis of CR16.1 fragment for plant promoter.

XX Synthetic DNA; plant promoter; CR16.1 fragment; carrot; transgenic plant;

KM soybean glycinin; oligonucleotide; stearyl-ACP-desaturase gene;

KW male sterility-related gene; ss.

XX Daucus carota.

OS Synthetic.

XX EP976832-A2.

PD 02-FEB-2000.

PF 13-JUL-1999; 99EP-00113732.

PR 15-JUL-1998; 98UP-00200372.

PA (SUMO) SUMITOMO CHEM CO LTD.

PI Ishige F, Nishikawa S, Oeda K;

PT Novel promoter used to produce transgenic plants with higher expression

XX of a desired gene.

XX Disclosure; Page 14; 24pp; English.

XX The present sequence is an oligonucleotide (- chain) used to prepare a

CC CR16.1 DNA fragment comprising nucleotides 112-246 of the carrot CR16.3

CC fragment. The CR16.1 DNA fragment is ligated to a 10 bp synthetic DNA for

CC construction of a plant promoter. The promoter is used for controlling

CC the expression of a desired gene e.g. soybean glycinin, stearyl-ACP-

CC desaturase and S-locus type specific RNase gene (male sterility-related

CC gene) in a host cell especially a microorganism or a plant cell. The

CC transformed plant cells can be used to produce transgenic plants. The

CC promoter is compact and therefore suitable for higher expression of a

CC desired gene in a particular tissue compared to other host tissues

XX Sequence 140 BP; 45 A; 17 C; 34 G; 44 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 5.8%; Score 119; DB 3; Length 140;

Best Local Similarity 92.6%; Pred. No. 1.1e-12;

Matches 125; Conservative 0; Mismatches 10; Indels 0; Gaps 0;

QY 1918 ATCAACACCTGAACATTTAGGTACTTAATAGTGTCTGTGGTCTACTAT 1977

DB 140 ATCAACACCTGAACATTTAGGTACTTAATAGTGTCTGTGGTCTACTAT 81

QY 1978 CATCAATCAATCTTACACCAACCTTGAATTTTCTACTTATTCAGCAAT 2037

DB 80 CATCAATCAATCTTCCAGCAACCAACCTTGAATTTTCTACTTATTTTTCAGCA 21

QY 2038 AACATTTCAATATC 2052

DB 20 AACATTTCAAGTTC 6

RESULT 13

AAZ49615
ID AAZ49615 standard; DNA; 140 BP.

XX AAZ49615;

DT 07-APR-2000 (first entry)

DE Oligonucleotide-3 for synthesis of CR16.1 fragment for plant promoter.

XX Synthetic DNA; plant promoter; CR16.1 fragment; carrot; transgenic plant;

KM soybean glycinin; oligonucleotide; stearyl-ACP-desaturase gene;

KW male sterility-related gene; ss.

XX Daucus carota.

OS Synthetic.

XX EP976832-A2.

PD 02-FEB-2000.

PF 13-JUL-1999; 99EP-00113732.

PR 15-JUL-1998; 98UP-00200372.

PA (SUMO) SUMITOMO CHEM CO LTD.

PI Ishige F, Nishikawa S, Oeda K;

PT Novel promoter used to produce transgenic plants with higher expression

XX of a desired gene.

XX Disclosure; Page 13; 24pp; English.

XX The present sequence is an oligonucleotide (+ chain) used to prepare a

CC CR16.1 DNA fragment comprising nucleotides 112-246 of the carrot CR16.3

CC fragment. The CR16.1 DNA fragment is ligated to a 10 bp synthetic DNA for

CC construction of a plant promoter. The promoter is used for controlling

CC the expression of a desired gene e.g. soybean glycinin, stearyl-ACP-

CC desaturase and S-locus type specific RNase gene (male sterility-related

CC gene) in a host cell especially a microorganism or a plant cell. The

CC transformed plant cells can be used to produce transgenic plants. The

CC promoter is compact and therefore suitable for higher expression of a

2000 11141GAAAAAAATTAATAATTTGAAATGAAAAAAATGTTAA 2925

Qy	1502	TGATTAGCGAATCCGCCCTTTAAATTATTCACAATAGTGTGATATATGAAATTAATCAGT	1561
Db	2926	AATTTTATGAAATGTAATAATTTTAAATGCAATTTATTTGTTAAATAAATTAATAAATTA	2985
Qy	1562	TATCTGAAAAGCAATATATATCTTTGTAAAAACAGCGTCCGTCCAATGGGAAGTTCAGT	1621
Db	2986	TTGAAAAATGATATATTTTAAATGATGATGTTAAATTTTATATAAATATTAATTA	3045
Qy	1622	GTATTCATAGTTTATATATATAAAGTAATTTTAAATTAATTTGTTATTTTGTTCAGAA	1681
Db	3046	TAAATATATGTTTAAATTTGTGAATGGAATTTGGAATTTTGTATTTTATGTGTAATTT	3105
Qy	1682	ATTTAAAAATAAATATTGAGCATGGGAAGTTCACGGGCATCATTTAGACAGCACTAGACTG	1741
Db	3106	AATAAAAATTAATTTTAAAAATGAATTTTAATGATGATGAAAAATTTGTTTATATAT	3165
Qy	1742	--TTTGAAACATGTATGTCGGGTACATCATATGACCTTTCACATCAACTAGTGAATA	1798
Db	3166	AATTTTAAATATATATATTTTAAATAAAAATTTGTTGGAATTTGTAATTAATAATTTT	3225
Qy	1799	ATGCATTCAGAAATACATCTTTTCAAAATTTCAACAAACAGCTTAACTTTCTTCA	1858
Db	3226	AATTTATATATTTTTTTTAAATATTTGATTTATTTTAAATTAATGATGTAATTA	3285
Qy	1859	CGGATTTGGAATCTTTTCTAAACTTTTAAATTAATAAATAATGCAATTTTGAATATTTTA	1918
Db	3286	AATTTTGTATATGTTGTGTTATTTTTTGAATAAATAAATAAATATATATTTGTAATGTA	3345
Qy	1919	TCAACACCTCAACTGATGTTTA	1941
Db	3346	AAAAATGATTAATAATTTTGAATGA	3368

XX	ABZ10100	ABZ10100
XX	ABZ10100	standard; DNA; 8056 BP.
XX	ABZ10100;	
XX	16-JAN-2003	(first entry)
XX	Haematopoietic cell proliferation disorder related DNA sequence #240.	
XX	Human; haematopoietic cell proliferation disorder; cytostatic;	
XX	gene therapy; lymphocytic leukaemia; acute myelogenous leukaemia;	
XX	cytosine methylation state; gene; ds.	
XX	Homo sapiens.	
XX	WO200277272-A2.	
XX	03-OCT-2002.	
XX	26-MAR-2002; 2002WO-EP003401.	
XX	26-MAR-2001; 2001US-0278333P.	
XX	(EPIG-) EPIGENOMICS AG.	
XX	Berlin K, Braun A, Distler J, Gueitg D, Howe A, Mueller J;	
XX	Olek A, Piepndroock C, Adorjan P, Grabs G, Lesche R, Leu E, Pelet C;	
XX	Lewin A, Lipscher E, Maier S, Model F, Mueller V, Otto T, Pelet C;	
XX	Schwope I, Ziebarth H;	
XX	WPI; 2003-018942/01.	
XX	Detecting and differentiating between hematopoietic cell proliferative	
XX	disorder, comprises contacting a target nucleic acid with a reagent tha	
XX	distinguishes between methylated and non-methylated CpG dinucleotides.	
XX	Claim 28, SEQ ID NO 240; 117pp; English.	
XX	The present invention describes a method for detecting and	

CC differentiating between haematopoietic cell proliferative disorders
CC associated with at least 1 gene and/or their regulatory regions in a
CC subject. The method comprises contacting a target nucleic acid in a
CC biological sample obtained from the subject with at least 1 reagent,
CC which distinguishes between methylated and non-methylated CpG
CC dinucleotides within the target nucleic acid. AB209861 to AB21118
CC represent specifically claimed nucleotide sequences from the present
CC invention. Oligonucleotides from the present invention can be used: for
CC differentiating between healthy haematopoietic cells and proliferative
CC disorder haematopoietic cells; for differentiating between acute
CC lymphocytic leukaemia and acute myelogenous leukaemia; as probes for
CC determining the cytosine methylation state and/or single nucleotide
CC polymorphisms (SNPs) of haematopoietic cell proliferation disorder
CC related sequences and their complements; and as primers for the
CC amplification of haematopoietic cell proliferation disorder related DNA
CC sequences. The nucleotide sequences from the present invention can also
CC be used for detecting a predisposition to, differentiation between
CC subclasses, diagnosis, prognosis, treatment and/or monitoring of
CC haematopoietic cell proliferative disorders. The present method enables a
CC highly specific classification of haematopoietic cell proliferative
CC disorders allowing for improved and informed treatment of patients
CC
CC
SQ Sequence 8056 BP; 3711 A; 371 C; 371 G; 3603 T; 0 U; 0 Other;
OY Query Match 4.5%; Score 91.8; DB 8; Length 8056;
Db Best Local Similarity 44.2%; Pred. No. 1,88-07;
Matches 627; Conservative 0; Mismatches 767; Indels 25; Gaps 5;
547 ATGCTTCTCAAAATGTTTTATATGTAATAATATGCCATCCAGAGATAGTAAATT 606
1358 ATTATTATTAATAAATTTATTTTATTTTATTAATAAATAAATATGCAATTTTTTTATTTT 1417

Db	1418	TTTATTTTTTTTTTTTTTAAAAAABAAAAATTAATTTTTTTTATTAATAATTAATTATTA	1477
Qy	667	TTTAGACGACAGAGACTTAGCTCAAAAATGACGCTGTAAACAGCCTAGACTTGTC	726
Db	1478	ATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1537
Qy	727	CTGATTAATAGATTAATGTTAGTAAATATAGTAGATCTACAAATGACATTTAAATTGA	786
Db	1538	TTAATTAATAATTAATTTTTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1597
Qy	787	GCTATTAATTAAGTACTTAATTAATTAAGAGGTTAGTAAACAGAAAGCAGSTAAAA	846
Db	1598	TAAATTTTAATTAATTTAAAAATCGAAATPAACGAATCGTAAATTTAAAAATTA	1657
Qy	847	AGAGCTTGCTGCTGTTAGTGTGTGAGCTCAATTCCTTAAAAAGTAATGAACT	906
Db	1658	AATTAATTAAC-GATTAATTTTATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1716
Qy	907	GATCTAAAGCAGATAGAAATTTAGTACAGTTAAACTTTTACAGAAATTAATTAAC	966
Db	1717	TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1776
Qy	967	GAAATCAATTTATTAACATGCTCGCGCTCATTAATATGGGATCACTTACTGATCA	1026
Db	1777	AATTAATAAATTAATTAAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1836
Qy	1027	TCCATTAATAACCTTGTTAAAAACAATTCATAGATTAATATCTTACATGAAGAAG	1086
Db	1837	AAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1896
Qy	1087	GACAAATGCTCTTGAAAAAACAATAGTAATCCCTCCGCTCTGAATATGATCAT	1146
Db	1897	AAAAATATAAATTTTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1956
Qy	1147	ATGCAATGACACGAGATCAAGAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1206
Db	1957	AATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTTAAATTAATTAATTTTAAT	2016
Qy	1207	A-----AGAAATGCGGTAAAGTAGCGGAGCCACCAATATATATATGATGAT	1256

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 15, 2005, 08:19:54 ; Search time 6529.36 Seconds
(without alignments)
11962.561 Million cell updates/sec

Title: US-09-806-197-1

Perfect score: 2052
Sequence: 1 catgtcgtgcctcacagcaca.....gcaatacatcttaataatc 2052

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 34239544 seqs, 19032134700 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 68479088

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Listing first 45 summaries

Database :

EST:*
1: gb_est1:*
3: gb_est3:*
4: gb_estc3:*
5: gb_est4:*
6: gb_est5:*
7: gb_est6:*
8: gb_gse1:*
9: gb_gse2:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
C 1	97.8	4.8	1101	9	CNS00EVL
C 2	97.2	4.7	1101	9	CNS0039G
C 3	95.6	4.7	1542	9	AG386981
C 4	95	4.6	1101	9	CNS0039G
C 5	94.6	4.6	1758	9	CL509408
C 6	93.6	4.6	1896	9	CG753083
C 7	93	4.5	1202	8	CC262481
C 8	92.4	4.5	1101	9	CNS0021J
C 9	90.8	4.4	1101	9	CNS00EVL
C 10	90.4	4.4	1608	9	CL118721
C 11	88.8	4.3	1067	6	CD386564
C 12	88.8	4.3	1268	9	AG347098
C 13	88.8	4.3	1392	9	CG757503
C 14	88	4.3	1277	8	CC253231
C 15	88	4.3	1696	9	AG346840
C 16	87.6	4.3	1275	9	CL033318
C 17	87.2	4.2	1887	9	AG526041
C 18	87	4.2	1275	9	CL033318
C 19	87	4.2	2087	9	AG333887
C 20	86.8	4.2	1348	9	CG749499
C 21	85.6	4.2	1350	9	CL019486
C 22	85.4	4.2	1780	9	AG320553
C 23	85.2	4.2	1330	9	CL103881
C 24	85	4.1	1539	9	AG340947

C 25	84.8	4.1	1254	9	AG349719	AG349719 Mus muscu
C 26	84.6	4.1	987	9	CNS014PQ	AL104456 Drosophila
C 27	84.6	4.1	1364	9	CG757970	CG757970 P053-2-CO
C 28	84	4.1	1101	9	CNS017KE	AL108152 Drosophila
C 29	83.8	4.1	822	7	CK416977	CK416977 AUF_lipint
C 30	83.6	4.1	1489	9	AG350139	AG350139 Mus muscu
C 31	83.4	4.1	1101	9	CNS00EVC	AL070972 Drosophila
C 32	83	4.0	1211	9	AG349657	AG349657 Mus muscu
C 33	83	4.0	1592	9	CG750135	CG750135 P044-3-DO
C 34	82.8	4.0	1210	9	CG749728	CG749728 P044-1-CO
C 35	82.6	4.0	1506	9	AG278469	AG278469 Mus muscu
C 36	81.6	4.0	1092	9	CNS020K7	AL175696 tetradon
C 37	81.6	4.0	1101	9	CNS00E07	AL069040 Drosophila
C 38	81.6	4.0	1355	9	AG346348	AG346348 Mus muscu
C 39	81.6	4.0	1745	9	AG338221	AG338221 Mus muscu
C 40	81.4	4.0	812	8	BH178455	BH178455 011_J_02-
C 41	81.4	4.0	812	9	CNS07KSM	AL615412 T3 end of
C 42	81.4	4.0	1050	9	CNS013NS	AL103090 Drosophila
C 43	81.4	4.0	1391	9	CG754863	CG754863 P050-2-GO
C 44	81.2	4.0	1094	9	CNS012F2	AL101513 Drosophila
C 45	81.2	4.0	1715	9	AG288305	AG288305 Mus muscu

ALIGNMENTS

RESULT 1
CNS00EVL/C LOCUS 1101 bp DNA linear GSS 04-JUN-1999
DEFINITION Drosophila melanogaster genome survey sequence T7 end of BAC: BACR29823 of RPCI-98 library from Drosophila melanogaster (fruit fly), genomic survey sequence.

ACCESSION AL069706.1 GI:4949849
VERSION GSS.
KEYWORDS Drosophila melanogaster (fruit fly)
SOURCE Drosophila melanogaster
ORGANISM Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota; Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha; Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.

REFERENCE 1 (bases 1 to 1101)

AUTHORS Genoscope.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (02-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Sequencage : BP 191 91006 Evry cedex - FRANCE (E-mail : seqref@genoscope.cns.fr)

COMMENT

- Web : www.genoscope.cns.fr
Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP). The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila melanogaster genome using these BACs. For further information please see <http://www.fruitfly.org> The BDGP Drosophila melanogaster BAC library was prepared by Kazutoyo Osoegawa and Aaron Mammeter in Pletier de Jong's laboratory in the Department of Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo, NY. The library is named RPCI-98 and was constructed by partial EcoRI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the isogenic strain y2; cn bw sp, the same strain used for the BDGP's P1 and EST libraries. A more detailed description of the library and how to order individual BAC clones, the entire library, or filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm.

FEATURES

source
1..1101
/organism="Drosophila melanogaster"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:7227"
/clone_lib="BACR29823"
/clone_1ib="RPCI-98"
/note="end : T7"

ORIGIN

Query Match 4.8%; Score 97.8; DB 9; Length 1101;
Best Local Similarity 34.8%; Pred. No. 8.7e-08;

Matches 195; Conservative 102; Mismatches 264; Indels 0; Gaps 0;

```

Qy 1138 TGNATCATATGATTTGACACGAGACTAAGAAAAATGATTAAGTATAGTAA 1197
Db 1075 TAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1016
Qy 1198 AAGAAAGAGAAAAAGTGGTAAAGTAGCGGACCCACCAATATATATATAGT 1257
Db 1015 TTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 956
Qy 1258 TGAAGAAAGTATGAAAGTAGTGGTGGTGGATTTTATATATATATATATAT 1317
Db 955 TTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 896
Qy 1318 TTGAGAAAGTTTGAATATGATATGATGAGTGCATCAATAAAGAAAGTATAG 1377
Db 895 WAAAAAAMWAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 836
Qy 1378 AATTAATATGACACGAGAGTATATACCTTATGATATATATATATATATAT 1437
Db 835 WATWATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 776
Qy 1438 TCATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1497
Db 775 WWTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 716
Qy 1498 ATTCTGATGATGATATACCGCTTTATATATATATATATATATATATAT 1557
Db 715 ATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 656
Qy 1558 CAGTTATCTGAAAGCAATATATCTTGTAAACAGCGTTCGTAATGGAAGTTC 1617
Db 655 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 596
Qy 1618 ATGTGATCATATGTTTATATATATATATATATATATATATATATATAT 1677
Db 595 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 536
Qy 1678 AGAAATTTTAAATATATATAT 1698
Db 535 WTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 515

```

RESULT 2
CNS00396/c
LOCUS
DEFINITION
1101 bp DNA linear GSS 03-JUN-1999
Drosophila melanogaster genome survey sequence TET3 end of BAC #
BACR08K10 of RPCI-98 library from Drosophila melanogaster (fruit
fly), genomic survey sequence.
AL063921
GI:4941778
GSS.
ORGANISM
Drosophila melanogaster (fruit fly)
Drosophila melanogaster
Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota;
Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;
Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
1 (bases 1 to 1101)
Genoscope.
Direct Submission
Submitted (02-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Sequencage :
BP 191 91006 EVRY cedex - FRANCE (E-mail : seque@genoscope.cns.fr)
- Web : www.genoscope.cns.fr
Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a
collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP).
The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila
melanogaster genome using these BACs. For further information
please see <http://www.fruitfly.org> The BDGP Drosophila
melanogaster BAC library was prepared by Kazuhiro Ohsawa and
Aaron Mamoser in Pieter de Jong's laboratory in the Department of
Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo,
NY. The library is named RPCI-98 and was constructed by partial
EcoRI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the

isogenic strain y2; cn bw sp. the same strain used for the BDGP's
p1 and E87 libraries. A more detailed description of the library
and how to order individual BAC clones, the entire library, or
filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be
found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm.
Location/Qualifiers
1. 1101
/organism="Drosophila melanogaster"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:7227"
/clone="BACR08K10"
/clone_1lb="RPCI-98"
/note="end : TET3"

ORIGIN

Query Match 4.7%; Score 97.2; DB 9; Length 1101;
Best Local Similarity 18.8%; Pred. No. 1,1e-07;
Matches 109; Conservative 261; Mismatches 210; Indels 0; Gaps 0;

```

Qy 1133 TGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1192
Db 1059 DRWADGATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1000
Qy 1193 GTAAAGAAAGAGAAAGAAAGTGGTAAAGTAGCGGACCCACCAATATATAT 1252
Db 999 RDGAGKRDPAATDADGAGRRDGRKRRKDDKDDKGGKKAARAKWATKW 940
Qy 1253 AGATTTAGAAAGTATGTTGAAAGTATGATGAGTGGTGGATTTTATATATAT 1312
Db 939 DDMWDKMKWDGAKDRADDDGAGDKDDGKXADDDTGTDDKDDKMKDDWDKX 880
Qy 1313 CTATTTGAGAAAGTATGAAATGATATAGAAATGAGGGGACATCAATAAAGAA 1372
Db 879 GTWAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 820
Qy 1373 TATGATATTAATGCGACAGAGAGTATATCTTTATGATATATATATATAT 1432
Db 819 RDMGDAGRGARRRKRRDRADDDADDDADDDADDDADDDADDDADDDAD 760
Qy 1433 TGATTTATAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1492
Db 759 TRWADRTWDRDDDDDRDAGTAGRRKRTWRKRRDRWDDADDDADDDAD 700
Qy 1493 TATTAATTCGATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1552
Db 699 DGADAGKKTGKRRRRRATWDRTDAAWMTTDTDTDDMDKRRRRGARRR 640
Qy 1553 TAAATCAGTATCTGAAAGCAATATATATATATATATATATATATATAT 1612
Db 639 RTTARAAMDMWTWKAMDAMKMDKTRADRMWADMTDTRKADRWAKARAR 580
Qy 1613 AGTTCAATGCTATATCAATATGTTTATATATATATATATATATATATAT 1672
Db 579 ARARADRRWTTTGTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 520
Qy 1673 GTTTCAGAAATTTAAATATATATATATATATATATATATATATATAT 1712
Db 519 TTTTAAAMWAAATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 480

```

RESULT 3
AG386981/c
LOCUS
DEFINITION
1542 bp DNA linear GSS 03-JUN-2004
Mus musculus molossinus DNA, clone:MSNG01-201G10.TU, genomic survey
sequence.
AG386981
AG386981.1 GI:47998186
GSS.
ORGANISM
Mus musculus molossinus
Mus musculus molossinus
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE
1

AUTHORS Hattori, M., Toyoda, A., Noguuchi, H., Kojima, T. and Sakaki, Y.
 TITLE BAC and Sequences of Library MSWg01
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1542)
 AUTHORS Hattori, M., Toyoda, A., Noguuchi, H., Kojima, T. and Sakaki, Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC); 1-7-22 Shuhiro-chou, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan (E-mail:hattori@gsc.riken.jp, URL:http://hgp.gsc.riken.go.jp/, Tel:81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170)
 COMMENT Clones are derived from the mouse BAC library MSWg01. For BAC library availability, please contact Kunihya Abe (abe@erc.riken.jp).
 The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1 Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
 phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
 e-mail: abe@erc.riken.jp
 PRIMERS
 Sequencing : TJ
 LIBRARY : PBACg3.6
 Vector : ECoRI
 R.Site 1 : ECoRI
 R.Site 2 : ECoRI.
 FEATURES
 source
 1. 1542
 /location/Qualifiers
 /organism="Mus musculus molossinus"
 /mol_type="genomic DNA"
 /sub_species="molossinus"
 /db_xref="taxon:57486"
 /clone="MSWg01-201G10.TJ"
 /sex="male"
 /issue_type="mixture of kidney and spleen"
 /clone_lib="MSWg01 Mouse Male BAC Library"
 ORIGIN
 Query Match 4.7%; Score 95.6; DB 9; Length 1542;
 Best Local Similarity 44.3%; Pred. No.2.2e-07;
 Matches 420; Conservative 0; Mismatches 523; Indels 6; Gaps 1;
 QY 750 ATAAATAGTAGAGTACATGACATTAATAATGAGCTATTAAATTAAGTTAACTAATA 809
 DB 1103 ATAGAGAAATTTAT 1044
 QY 810 ATTAGAGAGTTAGTAAACAGAAAGAGGTAATAACAGAGCTTGGCTGCTGTTG 869
 DB 1043 AAT 984
 QY 870 TTGTTGAGCTCATTTCTTAAAGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAAT 929
 DB 983 TAT 924
 QY 930 GTACAGGTTAAACCTTTTCAAGAAATTTATATTAACGAATCATTTTATACATGCT 989
 DB 923 ATTAAT 864
 QY 990 CTCGGCTGCATTTATATGCGATCTCTTATGATCATCCATTAA-----AACCTTGT 1043
 DB 863 TTAAATTTAT 804
 QY 1044 AAAACAAATTCATGATGATTAATATCTTATCAATGAAAGAGCAATGCTCTTTGAA 1103
 DB 803 AATTA 744
 QY 1104 AAAACAAATGAGTACTCCCTCCCTCCCTGGAATGTATATACATATGATTTGACAGGAG 1163
 DB 743 TAAAT 684
 QY 1164 ACTAAGAAAAATGTATTAAGTATATAGGTAATAAGAAAGAAAGAAAGAGGGTAA 1223
 DB 683 AATTAAT 624
 QY 1224 GTAGCGGAGCCACATATATATATATGATGATTTGAAAGATGTTGAAAGATGGGT 1283

DB 623 ATAAAAAAAAAT 564
 QY 1284 GGGTGGGATTTTAT 1343
 DB 563 TAT 504
 QY 1344 TTGAGTGGGACATCCATAAAGAAAGTATATATATATATATATATATATATATATATAT 1403
 DB 503 TAAAAAT 444
 QY 1404 CCTTATGAT 1463
 DB 443 AT 384
 QY 1464 ATGAT 1523
 DB 383 ATAAAAAAAAAAAAAAAAAT 324
 QY 1524 TAT 1583
 DB 323 AT 264
 QY 1584 TTTGTAAAAACAGCTTGGTCAATGGAAGTTCATGTCATTCATTCATTCATTCATTCAT 1643
 DB 263 AATATTTAAAAAATAAT 204
 QY 1644 AAGTAAATTTTAAAT 1692
 DB 203 AAAAAAT 155

RESULT 4
 CDS0039G 1101 bp DNA 1line GSS 03-JUN-1999
 LOCUS
 DEFINITION Drosophila melanogaster genome survey sequence TET3 end of BAC # BACR08K10 of RPCI-98 library from Drosophila melanogaster (fruit fly), genomic survey sequence.
 ACCESSION AL063921.1 GI:4941778
 VERSION
 KEYWORDS
 SOURCE Drosophila melanogaster (fruit fly)
 ORGANISM Drosophila melanogaster
 Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota; Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha; Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
 1 (bases 1 to 1101)
 REFERENCE
 AUTHORS
 TITLE
 JOURNAL
 COMMENT
 Direct Submission
 Submitted (02-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Sequencage : BP 191 91006 EVRY cedex - FRANCE (E-mail : seqref@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr)
 Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP). The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila melanogaster genome using these BACs. For further information please see http://www.fruitfly.org The BDGP Drosophila melanogaster BAC library was prepared by Kazutoyo Osoegawa and Aaron Mamoser in Pieter de Jong's laboratory in the Department of Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo, NY. The library is named RPCI-98 and was constructed by partial EcoRI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the isogenic strain Y2; cn bw sp, the same strain used for the BDGP's pl and EST libraries. A more detailed description of the library and how to order individual BAC clones, the entire library, or filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm.
 FEATURES
 source
 1. 1101
 /organism="Drosophila melanogaster"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:7227"
 /clone="BACR08K10"

QY 915 GCACATAGAAATTAGTACAGTTAAACCTTTTACAGAAATTATATATTAACGAAATCA 974
 DB 488 NNN 547
 QY 975 TTTTATTAACCTGCTCTCGGCTCTCATTTATATAGGATCATTTACTGATCATCTTAA 1034
 DB 548 AA 607
 QY 1035 AACCTTGTTAAACAAATTCATGAGTAAATATCTTCAATGAAAGAAAGCAATGT 1094
 DB 608 NNN 667
 QY 1095 CTCTTTGAAAAAACAATAGTACTCCCTCCCTCCCTCGAATGTATCATATGATG 1154
 DB 668 AA 727
 QY 1155 GACACGAGACTTAAGAAAAATGTATTAAGTATGTAGAGTAAAAAGAGAGAGAAAA 1214
 DB 728 AA 787
 QY 1215 GTGGGTAAAGTAGCGGAGCCCAATATATATGATGATTAGAAAAAGTAGTTGAAA 1274
 DB 788 NNN 847
 QY 1275 GTAGTGGGTGGGTGGGATTTTATATATTAATTAATTTACTATTTTGAGAAAGTTTGAAA 1334
 DB 848 AATATATTAAT 907
 QY 1335 TGTATAGAAATTGAGTGGACATCCATPAAGAGAGAGTATAGATTAATGAGACAGAG 1394
 DB 908 TATTNNNAAAATTAATNNAAAATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 967
 QY 1395 GGAGTATACCTTATGATATATATATTTTGTATTTTGAATTCATAGATTAATTAAT 1453
 DB 968 TTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1027
 QY 1454 CTATGT-TATTAATGATATATATTTTAAATAATTAATTAATTAATTTAATTT-CTGATTAAGTC 1510
 DB 1028 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1087
 QY 1511 GATTACCGCTTTTATTAATTTTAACTGAGTAATGATTAATTAATTAATTAATTAAT 1570
 DB 1088 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1147
 QY 1571 AGCAATTAATTAATTTGTAACAGCGCTCGGCAATGGAAGTCAATGATTAATTAAT 1630
 DB 1148 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1207
 QY 1631 AGTTTAAATTAATTAATTAATTTTGTATTTTGTGAGAAATTTAA 1688
 DB 1208 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1267
 QY 1689 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1748
 DB 1268 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1327
 QY 1749 AATGATATGCGGCTGACATCTATGACCTTGAACCAATGAGTAATTAATTAATTAAT 1808
 DB 1328 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1386
 QY 1809 GAATACATCTTTCAATTTCAACAACAGCTTAATCTTTCTTCAACGAGTTGAA 1868
 DB 1387 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1446
 QY 1869 TCCCTTTCTAAACCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1928
 DB 1447 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1506
 QY 1929 AACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1954
 DB 1507 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1532

RESULT 6
 CG753083/c 1896 bp DNA linear GSS 24-OCT-2003
 LOCUS
 DEFINITION
 P048-1-c01.za Ppa EcORI BAC Library Pristionchus pacificus genomic,
 genomic survey sequence.
 ACCESSION
 CG753083
 VERSION
 CG753083.1 GI:37977199
 KEYWORDS
 GSS.
 SOURCE
 ORGANISM
 Pristionchus pacificus
 Pristionchus pacificus
 Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Diplogasterida;
 Neodiplogasteridae; Pristionchus.
 REFERENCE
 1 (bases 1 to 1896)
 Bunjivaan,J., Sins,W., Jeesse,T., Wiggers-Perebolte,L., Jansen,K.,
 Bunjer,J., van der Meulen,M. and Sommer,R.J.
 An integrated physical and genetic map of the nematode Pristionchus
 pacificus
 Mol. Genet. Genomics 269 (5), 715-722 (2003)
 JOURNAL
 MEDLINE
 PUBMED
 22835951
 12884007
 COMMENT
 Contact: Sommer RJ
 Evolutionary Biology
 Max-Planck-Institute for Developmental Biology
 Spemannstr. 37-39, Tuebingen D-72076, Germany
 Tel: 00497071601371
 Fax: 00497071601498
 Email: ralf.sommer@uebingen.mpg.de
 Class: BAC ends.
 FEATURES
 source
 Location/Qualifiers
 1..1896
 /organism="Pristionchus pacificus"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="California"
 /db_xref="taxon:54126"
 /clone_lib="Ppa EcORI BAC Library"
 /note="The library was generated by a partial digest of
 the genomic DNA with EcORI and cloning into the BAC
 vector."
 ORIGIN
 Query Match 4.6%; Score 93.6; DB 9; Length 1896;
 Best Local Similarity 44.1%; Pred. No. 5.1e-07;
 Matches 520; Conservative 0; Mismatches 645; Indels 15; Gaps 4;
 QY 531 ACTATACCTTTGGCCGAATGCTTCGAATGTTTTTTATAGTAAATTAAGCCATCC 590
 DB 1833 AATNTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1774
 QY 591 AAGATTAAGTAAATTTCCCGTTTAAACAGTTTGTATATATATGTTTACACTTACAGA 650
 DB 1773 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1714
 QY 651 GGAATTCGTAATTAATCTTTTGAACGACAGAGACTTAAGTCAAAAATGACGCTGTAAC 710
 DB 1713 TATTAAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1654
 QY 711 AGCTTAAGCTTGCTGACATGATTAATTAATTAATTTGTTAGTATTAATTAAGATCTACAA 770
 DB 1653 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1594
 QY 771 TGACATTAATTAATTAAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 830
 DB 1593 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1534
 QY 831 AAAGAGGTAACAAAGAGCTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 890
 DB 1533 AATATTTTAAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1474
 QY 891 AAAAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 949
 DB 1473 TTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1414
 QY 950 AAGAATTAATTAATTAACGAAATCAATTTAATCAATGCTCTCGGCTGTCATTATTAATAG 1009

[illegible]

Qy	1108	CAAAATGCTCCTCCGCCCTCGAAATGTATTAACATATGATTGGAGCACGGAGCTA	1167
Db	378	AA	437
Qy	1168	AGAAAATGTATATAAGTATGTAGACTGAATAAAGAAGAAAGAAAGTGCGGTAAAGTAG	1227
Db	438	AA	497
Qy	1228	CGGAGCCACCATATATTAATTGATAGATTAGAAAAGTACTGAAAGTAGTGGGTGGCT	1288
Db	498	AAAAAAAAANNAANAATAATTAATTTATTTTTTTTATTAATTTATTTTTTTTTTTTT	557
Qy	1288	GCGATTTTTATATTAATAAAATTTACAATTTTGGAAAAGTTTGAAATGTATAGAAATGA	1347
Db	558	TWTTAATTTTAAATTTTAAAWMAAAATTTAATTAABAAAMWTWTITTTATTAATTAABAAWA	617
Qy	1348	GTCGGACATCCATTAAGAAGAGTATAGAAATTTAAATGGACAGAGGAGTAATACCTT	1407
Db	618	AAAAAAATTTTAAAMAWTTTTTTTTTTTWTTAATTAATTAAMAAAAAATVAMAATWTWTTTA	677
Qy	1408	TATGATATAT- AAATTTTGTATTTTGATTTCTAAGATTATTAATCTATGTATATAG	1466
Db	678	TWATATMAAAATMAAATTTTAAAAAATTTTTTAAWTTTTTTTTTTAAAMWTATTAATMTTT	737
Qy	1467	ATATATATTTTAAAAAATAATCTATATTAATTCGATTAAGTCGATTAACGCCTTTAT	1526
Db	738	AAAAAAATMAATTWTTAAATTTTATTAATTAABAAATTTMAAAAAATTTTAAATTAATTTTT	797
Qy	1527	AATTTTACAATCTAGTAAATATGAAATPAATCAGTTATCTGAAAAGCAAATATATCTTT	1586
Db	798	TTTATATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATWTTTTT	857
Qy	1587	GTAACAAGCGTTCCGTCGAATGGGAAGTTCATGTATTCATAGTTTATATTAATAAG	1646
Db	858	TTAAATTAATTTTATTTTAAAAATTTTAAATPATTSATTTAAWTATGTTTTTAAAGTWWA-	916
Qy	1647	TAAATTTTAAATTAATTTATTTTGTTCAGAAAATTTTAAATAAATTAATTTAGACATGG	1706
Db	917	AAATWGGAATGKKKKKTARKKRGCTTAABAATGTGAAGARATRAKTKTKKAATVK	976
Qy	1707	GAAAGTTCAGCGGCATCTTGAAGCAGCATGACTGTTTGAACAAAT	1751
Db	977	TAAAAAADKAKGAAAAATWGAARGAATGAAAAAGTCKDAATATT	1021
RESULT 9	CNS00EVL	1101 bp	DNA linear GSS 04-JUN-1999
CNS00EVL	Locus	Drosophila melanogaster genome survey sequence T7 end of BAC:	
DEFINITION	LOCUS	BACR29B82 of RCL1-98 library from Drosophila melanogaster (fruit fly), genomic survey sequence.	
ACCESSION	VERSION	AL069706	GI:4949849
SOURCE	KEYWORDS	Al069706	GSS.
ORGANISM		Drosophila melanogaster (fruit fly)	
REFERENCE		Drosophila melanogaster	
AUTHORS		Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota;	
TITLE		Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;	
JOURNAL		Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.	
COMMENT		1 (bases 1 to 1101) Genoscope. Direct Submission Submitted (02-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Sequencage : BP 191 91006 EVRY cedex - FRANCE (E-mail : segrat@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr) Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP). The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila melanogaster genome using these BACs. For further information please see http://www.fruitfly.org The BDGP Drosophila melanogaster BAC library was prepared by Kazutoyo Osoegawa and Aaron Mammosier in Pieter de Jong's laboratory in the Department of	

Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo, NY. The library is named RPCT-98 and was constructed by partial EcoRI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the isogenic strain y¹; cn bw sp, the same strain used for the BDGP¹, P1 and EST libraries. A more detailed description of the library and how to order individual BAC clones, the entire library, or filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm.

FEATURES

```
1..1101
/organism="Drosophila melanogaster"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:7227"
/clone="BACR29B23"
/clone_1lb="BACR1-98"
/notes="end : T7"
```

ORIGIN

Query Match	4.4%;	Score 90.8;	DB 9;	Length 1101;
Best Local Similarity	34.7%;	Pred. No. 1.7e-06;		
Matches 197;	Conservative 106;	Mismatches 264;	Indels 1;	Gaps 1

Qy	1130	CTGTGAAAGATGATGACATATGGAATGGACACGGAGCTAAGAAAATATGTTAAAGTAATGT	1185
Db	454	YTCCTCHHTTMMGMMMMWAAITWMAAAWAAATTTATWATATWATAWMAAAWMAATTTTTT	513
Qy	1190	AGAGTAAAAAGAAAGAAAGAAAAGTGGGTAAAGTACGGGAGCCACCAATATATAT	1249
Db	514	MMWMTWATTTTWTWMMWTTATWATTAABAAAAAAMWATTAITTTAAWMAATATWATTAWMAAT	573
Qy	1250	GATAGATTTAGAAAAGTACTGTAAGAGTGGGTGGGTGGATTTTATATATTAATTAAT	1309
Db	574	TMAWMMWATATATTAATWATTAATWATTAATWATTAATTAATAAATAATTTTTTWTATATAATTT	633
Qy	1310	TACTATTTTGGAAAGTTTGAATATGATAGAAATTTGGTGGACATCCATPAAAGGAA	1369
Db	634	TTAAATATTTTATTTATWATTAATPAAAPAAATWMTWMTTAAATTAATTTWMAATPAAWAA	693
Qy	1370	GTGATAGAAATTTAAATGGACAGAGGGAGTAAATACCTTATGATATATAATTTTGTGA	1429
Db	694	AAAAAAMMAAAWMAATWMAAATWATWATTAATTTAAAAAATTAAMWMAATWAMWATA	753
Qy	1430	TTTGATTTTCATAGATTATAAATCTATGTTATATGATATATATATTTTAAAAATATA	1489
Db	754	ATATWMAATATATWMTTWTWMAWMAATWMAWMTATATMAATMAAAMWMAATTAATAWMA	813
Qy	1490	CTATATTAATCTGATTTAGTTCGATTTACCGCTTTTATATATTTACAAATCTAGCTAATAT	1549
Db	814	-TAATWMAAAAMWATMAATWMAATWMAATWMAAATAAATAAATAATWATATWATWATAA	872
Qy	1550	GAATPAAATCAGTTATCTGAAAAGAAATAATATCTTTGTAAACAGGTTCCGCTCAATG	1609
Db	873	WAAAAAATAMWMTTWTWTTTWTWMAWMAATTAAMAAWATWMAAAMWMAAAAAAATA	932
Qy	1610	GGAAGTTCATCTGATTTCAATAGTTTAAATATATAAAGTAATTTTAAATATTTGTTAT	1669
Db	933	AAWMMWMTWATATTTTATTAATAAWTWTWMAATWMAATWMAATWMAATWATATWATAT	992
Qy	1670	TTTGTTCCAGAAATTTAAATTAATTTT	1697
Db	993	ATWMTATWATAATATTTATTAATAWMTAT	1020

RESULT 10	CL118721	LOCUS	DEFINITION	ACCESION
	CU118721	1608 bp	DNA linear	GSS 05-JAN-2004
	ISB1-72J08.T7.1	ISB1	Xenopus tropicalis genomic clone	ISB1-72J08,
			genomic survey sequence.	
			distance.	

REFERENCE	AUTHORS	TITLE	JOURNAL	COMMENT
1 (bases 1 to 1608)	Kremizki, C., Carter, J., McPherson, J., Warren, W., Graves, T., Madini, E. and Wilson, R.	A physical map of the xenopus tropicalis genome	Unpublished (2003)	Contact: Richard K Wilson
				Genome Sequencing Center
				Washington University School of Medicine
				Email: submissi@wustl.edu
				Insert Length: 75000 Std Error: 0.00
				Seq Primer: T7 TAATACGACTCACTATAGGG
				Class: BAC ends
				High quality sequence start: 252
				High quality sequence stop: 345.
				Location/Qualifiers

FEATURES

```
1. 1608
/organism="Xenopus tropicalis"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:8364"
/clone_1db="ISB1-7248"
/clone_1db="ISB1"
/note="Vector: pBelOAc11; ISB
Library Segment 1"
```

ORIGIN

Query Match	4.4%;	Score 90.4;	DB 9;	Length 1608;
Best Local Similarity	45.6%;	Pred. No. 2e-06;		
Matches 446; Conservative	0;	Mismatches 516;	Indels 16;	Gaps 3

[illegible]

Best Local Similarity 43.8%; Pred. No. 3.9e-06;
Matches 543; Conservative 0; Mismatches 672; Indels 24; Gaps 3;

```

QY 481 ATGCTGACGCATTAATTTGACAAACCCGACACACCTCTCCACGCTACTACTTT 540
DB 1359 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1300
QY 541 TGGCCGATGCTCTCAAAATGTTTTTATATGTAATAATATCCATCCAGATAGT 600
DB 1299 TAAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1240
QY 601 AAAATCCCGTTTACCAAGTTGTTATATATATATATATATATATATATATAT 660
DB 1239 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1180
QY 661 AATACCTTTAGACGACAGAGACTTAGTCATAAAATGAGCGCTGTAACAGCTT 720
DB 1179 AAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1120
QY 721 TGGTCACGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 780
DB 1119 AAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1060
QY 781 ATTAGACTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 840
DB 1059 AAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1000
QY 841 AAAACAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 900
DB 999 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 940
QY 901 TAACTGATCTAAGCAGATAGA-----AATTAGTACAGGTTAAACTTTTAC 949
DB 939 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 880
QY 950 AAGAAATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1009
DB 879 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 820
QY 1010 GGAATCCTTACGATCATCTATTAACCTGTTTAAACCAATTCAATGATTAAT 1069
DB 819 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 760
QY 1070 CTTCAGATGAAAAGAGCAATGCTCTTTGAAAAACAATAGGTAATCCCTCGT 1129
DB 759 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 700
QY 1130 CTCTGAAATGTAATACATATGATTTGACACGAGACTAAGAAAAATGTAAT 1189
DB 699 AAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 640
QY 1190 AGATGAAAAAGAAAGAAAGAAAGAGGTAAGTACGGGACCCACCAATATAT 1249
DB 639 AAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 580
QY 1250 GATAGATTAGAAAAGTATGTA-----GTAAGGGTGGGGAATTTTATATATA 1305
DB 579 AAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 520
QY 1306 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1365
DB 519 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 460
QY 1366 GAAAGTGTATAGATTAATGAGACAGAGGAGTAATCCTTTATGATATATAAT 1425
DB 459 TAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 400
QY 1426 GTTATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1485
DB 399 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 340
QY 1486 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1545

```

DB 339 AAT 280

QY 1546 ATATGATTAATATCAGTTATCTGAAAAGCAATATATATCTTTGTAACACGCTT 1605

DB 279 TAAAAATTTAT 220

QY 1606 AATGGAGAGTCAATGATGATTCATATGTTTATATATATATATATATATAT 1665

DB 219 AAT 169

QY 1666 TATTTTGTCTTCAGAATTTTAAATTAATTAATTTAGACAT 1704

DB 168 TATTTAT 130

RESULT 14

CC253231

LOCUS

DEFINITION

CH261-180N11.BM1.1 CH261 Gallus gallus genomic clone CH261-180N11,

genomic survey sequence.

CC253231

VERSION

CC253231.1 GI:30589981

KEYWORDS

SOURCE

ORGANISM

Gallus gallus (chicken)

Gallus gallus

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;

Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae;

Phasianinae; Gallus.

1 (bases 1 to 1277)

REFERENCE

AUTHORS

Kremetzki, C., Higginbotham, J., Wylie, K., Carter, J., McPherson, J.,

Warren, W., Graves, T., Mardis, E. and Wilson, R.

Gallus gallus BAC End Reads

Unpublished (2003)

CONTACT: Richard K. Wilson

Genome Sequencing Center

Washington University School of Medicine

Email: submissions@wustl.edu

Insert Length: 18200 Std Error: 0.00

Seq primer: RM1.TACGACTCATATAGGAGA

Class: BAC ends

High quality sequence start: 24

High quality sequence stop: 85.

Location/Qualifiers

1..1277

/organism="Gallus gallus"

/mol_type="genomic DNA"

/strain="Red Jungle Fowl"

/db_xref="taxon:9031"

/clone="CH261-180N11"

/sex="female"

/cell_line="UCD001, inbred 256"

/clone_lib="CH261"

/note="Vector: pTARBAC2.1; Site_1: EcoRI; Site_2: EcoRI;

CH261 Female Chicken library - for library and clone

ordering information: <http://www.choxi.org/bacpac>

ORIGIN

Query Match 4.3%; Score 88; DB 8; Length 1277;

Best Local Similarity 43.9%; Pred. No. 5.4e-06;

Matches 475; Conservative 0; Mismatches 600; Indels 6; Gaps 3;

```

QY 619 GTTTGTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 678
DB 41 GTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 100
QY 679 GAGACTTACGTCAAAATATGAGCGCTGTGTAACAGCCTTACCTTGTCTACTGAT 738
DB 101 GAACCTTTAAAAAANNCCAAAAAATATCATATTTTATATAATATATATATA 160
QY 739 TAATTTGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 798
DB 161 TATTTTAAACAATTTTTTTTTGAAATTAATTAATAAATAATTAATTAATTAAT 220

```

```

QY 799 GTTACTAAATATAGAGAGGTTAGTAAACGAAAGCAGGTAAGAAACAGAGCTGTGTC 858
Db 221 ATTTAAATTTAAATTAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAA 280
QY 859 TGTGTGTTAGTGTGTGAGCTCAATTTCTTTAAAGAAATGTAAGTAACTGATTAAGCAC 918
Db 281 ATAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAA 340
QY 919 ATAGAAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTTCAAGAAATTTAAATTTAAAGCAAAATCATTT 978
Db 341 TATAATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 400
QY 979 ATAAATGCTCTCGGCTGATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1038
Db 401 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 460
QY 1039 TTGTTAAAGAAATTCATATAGATTAATATCTTACATGAAAGAAAGACATGCTCTCT 1098
Db 461 TTTATTTATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTA 520
QY 1099 TTGAAAAAACAATAGGTAAGTCTCCCTCCCTCGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATG 1158
Db 521 ATATTAACATATATATTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 580
QY 1159 CGGA-GACTAAGAAATATGTAATTAAGTAATGTAAGTAATGTAAGTAATGTAAGTAATG 1217
Db 581 TAAATTTATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAT 640
QY 1218 GGTAAAGTACGGGACCCACCAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1277
Db 641 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 700
QY 1278 GTGGGTGGGTGGATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1337
Db 701 ATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAT 760
QY 1338 ATAGATTTAGTGGGACATCCATTAAGAAAGGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATG 1397
Db 761 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 820
QY 1398 GTATATCTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1457
Db 821 AAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 880
QY 1458 GTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1517
Db 881 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 940
QY 1518 GCCTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1577
Db 941 ATATATTTATA---TAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 997
QY 1578 AATATCTTTGTAAGAAAGCGTTCGGTCAATGGAAGTTCATGCTGATTCATATAGTTTAA 1637
Db 998 AAATTTATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1055
QY 1638 ATATTAAGTAATTTTAAATTTAAATTTGTAATTTTGTTCAGAAATTTAAATTAATTAAT 1697
Db 1056 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1115
QY 1698 T 1698
Db 1116 T 1116

```

```

RESULT 15
AG346840/c 1696 bp DNA linear GSS 02-JUN-2004
LOCUS Mus musculus molossinus DNA, Clone:MSMg01-142C12.T7, genomic survey
DEFINITION AG346840
ACCESSION AG346840.1 GI:47920150
VERSION GSS.
KEYWORDS

```

```

SOURCE
ORGANISM
Mus musculus molossinus
Mus musculus molossinus
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
1
Hattori, M., Toyoda, A., Noguchi, H., Kojima, T. and Sakaki, Y.
BAC end Sequences of Library MSMg01
Unpublished
2 (bases 1 to 1696)
Hattori, M., Toyoda, A., Noguchi, H., Kojima, T. and Sakaki, Y.
Direct Submission
Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical
and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC);
1-7-22 Suehiro-chou, Tsukuba, Ibaraki, Japan, 305-0856, Japan
Tel:81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170
E-mail:hattori@gs.c.riken.jp, URL:http://hbp.gsc.riken.go.jp/
Clones are derived from the mouse BAC library MSMg01. For BAC
library availability, please contact Kuniya Aoe (aoe@erc.riken.jp).
The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1
Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
e-mail: aoe@erc.riken.jp
PRIMERS
Sequencing : T7
LIBRARY
Vector : pBACe3.6
R.Site 1 : EcoRI
R.Site 2 : EcoRI.
FEATURES
source
Location/Qualifiers
1..1696
/organism="Mus musculus molossinus"
/mol_type="genomic DNA"
/sub_species="molossinus"
/db_xref="taxon:57486"
/clone="MSMg01-142C12.T7"
/sex="male"
/tissue_type="mixture of kidney and spleen"
/clone_lib="MSMg01 Mouse Male BAC Library"

```

ORIGIN

```

Query Match 4.3%; Score 88; DB 9; Length 1696;
Best Local Similarity 47.3%; Pred. No. 5.4e-06;
Matches 464; Conservative 0; Mismatches 501; Indels 16; Gaps 6;

```

```

QY 715 TAGCTTGGCTACTGATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 774
Db 1290 TATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1231
QY 775 ATTAATATTAAGCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 834
Db 1230 ATTAATTAATTAAGCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1171
QY 835 CAGTAAATTAAGCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 894
Db 1170 AATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 954
QY 895 GTAATGTAATTAAGCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 954
Db 1110 ATTAATTAATTAAGCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1052
QY 955 TTTATATTAAGCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1014
Db 1051 ATCATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 992
QY 1015 ACTTATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1074
Db 991 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 934
QY 1075 AATGAAATTAAGCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1134
Db 933 -----AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 880

```


[illegible]

```

OY      1799 ATGCATTTCAGAAATACATCTTTTCAAAATTTCAACAAACACGCTTAACTTTTCTTCAA 1858
Db      3226 AATTATATATATTTTTTTTTTAATAATTTGATTATATATTTTATTAATTAATGATGTAA 3285
OY      1859 CGGATTGGAACTCTTTCTTCAAATTTTAAATAAATAAATAATGCAATATTTGTAATATTTA 1918
Db      3286 AATTTTTGTATATGTTGTTGTTATTTTTTTTGAATAAAAAAAAAAATAATTAATGTAA 3345
OY      1919 TCACACCTCAACATTGATGTTA 1941
Db      3346 AAAATGATATAAATTGAAATGA 3368

RESULT 2
US-10-312-841-1/c
; Sequence 1, Application US//10312841
; Publication No. US2003018627A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Epigenomics AG
; FILE OF INVENTION: Diagnose von bedeutenden genetischen Parametern innerhalb des MHC
; FILE REFERENCE: E01/1208/WO
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/312,841
; CURRENT FILING DATE: 2002-12-30
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 3673778
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
; FEATURE:
; NAME/KEY: unsure
; LOCATION: (3294164)
US-10-312-841-1

Query Match      4.5%; Score 93; DB 16; Length 3673778;
Best Local Similarity 43.8%; Pred. No. 1,2e-05;
Matches 587; Conservative 0; Mismatches 745; Indels 7; Gaps 4;

OY      566 TTTTATATGTAATAATTAATGCCCATCCAGATCAAGATTAAGTAATAATTCGCGTTTAAACAGTTTGGT 625
Db      1714665 TATATATATATAAAATATATATATATAATAATATATATATATAATAATATATATATAATAATATATA 1714606
OY      626 AATATATATGTTTACACTTCAAGAGGATGTATGTAATCTTTTAAACGACAGACACTT 685
Db      1714605 TATATATAAATATATACCTTAATAATATATATATATAAATATATACATAAAATATATATAAA 1714546
OY      686 AGGTCAAAAATGACGCTGTGTAACAGCCTGACCTTGCTCACTGATTAATAGATATTTGT 745
Db      1714545 ATATATATATATAAAATAATATATATAAAATATATATAAAATATATATAAAATATATATA 1714486
OY      746 TAGATATATATATAGAGGATCTACAATGACATTAAATTTAGACTTATATTAAGTTACTA 805
Db      1714485 AAAATATATATATAATATATATATATAAATATATATATAAATATATATAAATATATATAA 1714426
OY      806 ATATAATATAGAGGCTTAGTAAACAGAAACAGGTAAATAAACAAGCTGCTGCTGTGT 865
Db      1714425 ATATATATATAAATAATATATATAAATAATATATATAAATATATATAAATATATATAT 1714366
OY      866 TTATGTTGTTGAGCTCATTTCTTTAAAGTAAATGAAACCTGATCTAAAGCAGATAGAA 925
Db      1714365 AAAATATATATATAAATATATATATAAATAATATATAAATATATATAAATATATATAA 1714306
OY      926 TTTAGTACAGGTTAAACCTTTTACAGAAATTTATATTTAAACGAAATCAATTTTAAACAT 985
Db      1714305 ATATATATAAATATATATATATAAATATATATATAAATATATAAATATATAAATAT 1714247
OY      986 GTCTCGGCTGTCAATTAATATAGGATCACTTACGTATCAATCAATTAATAAACCCTGTAA 1045
Db      1714246 ATATATAAATATATATAAATAATATATATAAATAATATATAAATATATATAAATAATATATA 1714187
OY      1046 AACCAATTCATAGATATAAATATATCT-TACATGAAAAAGAGGACAAATGCTCTTTTGAA 1104

```

[illegible]

	LENGTH:	8056	
:	TYPE:	DNA	
:	ORGANISM:	Artificial Sequence	
:	FEATURES:		
:	OTHER INFORMATION:	chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)	
US-10-473-126-240			
Query Match	4.5%;	Score 91.8;	DB 18; Length 8056;
Beech Local Similarity	44.28;	Pred. No. 2,4e-06;	
Matches 627;	Conservative 0;	Mismatches 767;	Indels 25; Gaps 5;
Oy	AATGCTCTCAAAATGTTTTATAATGAAAAAATATAGCCCATCCAGAGTAATAATT	606	
Db	1358 AATTTTTATTAATAATTAATTTTTTTTTTATTAATAATAATTCATTTTTTTTTTATTTT	1417	
Oy	607 CCCGTTTACCGATTGTATATATATATGTTTACACTTACAAGAGATATTCGTAACT	666	
Db	1418 TTTATTTTTTTTTTAAAABAAAAAATTAATTTTTTTTATTAATAATATATTATAA	1477	
Oy	667 TTATGACGACAGACACTTAGTGCTAAAAATGGACCGCTGTGAACAGCCTAGACTTGTC	726	
Db	1478 ATATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1537	
Oy	727 CTGATAATATGATTAATGTTAGTATATATATATATATATATATATATATATATAGA	786	
Db	1538 TTTAATTAATAATTAATTTTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1597	
Oy	787 GCTATTAATTAAGTTACTTAATTAATTAAGAGGTTAGTAAACAGAAACAGSTAAABA	846	
Db	1598 TAATTTTAATTAATTTTAAAAAATGAAATTAACGAATGTAATAATTAABAAAAATTA	1657	
Oy	847 AGAGCTTGCTGCTGCTGTAGTTAGTTGTGAGCTCATTTCTTTAAAGTAATGTAAC	906	
Db	1658 AATTAATTAAC-GATTAATTAATTAATTTTATTAATAATTAATTAATTAATTAATTA	1716	
Oy	907 GATCTAAAGCACATAGAAATTTTAGTACAGGTTAAACCTTTTACAAGATTAATTAATTA	966	
Db	1717 TATATATTTTAATTAATTTTAAATTAATTAATAATTAATAATTAATTAATTAATA	1767	
Oy	967 GAATAATCTTTTAAATCATGCTCTCCGCTGCTCATTAATTAAGGATCACTTACTGATCA	1028	
Db	1777 AATTAATAAATTAATTAATGTTATTAATTAATTAATTAATTAATAATAAATTTGTTTA	1836	
Oy	1027 TCATTAATAAACCCTGTGTAACAATTAATCAATGATTAATAATCTCAATGAAGAAG	1086	
Db	1837 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1896	
Oy	1087 GACAAATGCTCTTTGAAAAAACAAATAGTAATCCCTCCGCTCCTCGAAATGTAATCAT	1146	
Db	1897 AAAAAATTAATAATTTATTAATAAAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATAATAAATAAT	1956	
Oy	1147 ATGATTTGGAACAGGAGACTTAAGAAAAATGATTAATTAATGAGTAAAGAAAAAGAG	1206	
Db	1957 AATTTTTTAAAAATTAATAATTAATTAATTAATTTTATTTTAAAAATTAATAATTTTAAT	2016	
Oy	1207 A-----AAGAAAAAGTGGTAAGTAAAGACGGGACCCACCAATATATATATGATAGT	1256	
Db	2017 ATATTTAAAAATTAATAATTAATTTTAAATATTTTAAATTTTAAAAATTTTATTAATAAT	2076	
Oy	1257 TTACAAAAAGTAGTTGAAGTAGTGGGTGGGATTTTATATTAATTAATAATTTTACTAT	1316	
Db	2077 ATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAT	2136	
Oy	1317 TTGAGAAAGCTTTGAAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1376	
Db	2137 TTTATTTAAAAATTAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	2196	
Oy	1377 GAATTAATGAGGACAGAGGAGTAATACCTTTATGATATATTAATTTTGTATTTTGAT	1436	
Db	2197 ACGAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	2256	
Oy	1437 TTCATTAAGATTAAATCTATGTTATTAATGATATTAATTTTAAAAATTAATTAATTA	1496	

Qy	1177 TATTAAGTATGTGAGTGTTAAAGAAGAAAAGAAAAAGTGGGTAAAGTAGCGGACCA	1236
Db	55090 TATTAAATATATATATTTATATATATATGTAAATATATTAATAATATATATATATATAG	55149
Qy	1237 CCAATATATATATGTAGATAGTTTGAAGAAAGTAGTGAAGTGTGGGTGGCATTTTT	1296
Db	55150 TATATATATTAATATATATATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATAG	55209
Qy	1297 ATATATATTAATTTACTATTTTGGAAAAGTTTGAATGTATGAAGATTTGAGGCACAT	1356
Db	55210 ATATATTTAAATATATATATATTTATATA-----TGTAATATGTAAATATATTAATATATATAT	55283
Qy	1357 CCATTAAGAAGAGTGTATGAATTTAAT--GGGACAGGGAGTATATCTTTATGATAT	1415
Db	55264 TTATATATGTATATGTATATATATTAATAATTTATATATGTATATGTATATGTATATTTAAAT	55323
Qy	1416 ATAAATTTTGTATTTTGTATTCATATAGATTATATATATATATATATATATATATATATAT	1475
Db	55324 AATTATATATGTATATATGTACTATATTAATATATATATATATATATATATATATATATATAT	55383
Qy	1476 TTTTAAAAATATATCTATATTTAATTTTGATGTAGCCATTCGCCCTTTATATTTTACA	1535
Db	55384 TATATATATATTAATATATATATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT	55443
Qy	1536 ATACTGTATATATGATTAATATCAGTTATCTGAAAAACAATATATATCTTTGTAAAAACAG	1595
Db	55444 TATATGTAAATATATATATATACATTAAGTAATATATTAATAATATATATATATATATATAT	55503
Qy	1596 CGTTGGTCAATGGGAAAGTTCATGTGATTCGAATGCTTTATATATATATATATATATATAT	1655
Db	55504 ACTACATTTTAAAT	55563
Qy	1656 AATTAATTTGTATTTTGTTCAGAAATTTAAATATATATATATATATATATATATATATATAT	1715
Db	55564 AATATATCTAT	55619
Qy	1716 GGGCATCATTTGACGACATAGACTGTTTGAACANATATATGTCGGGTATCATCTATGAC	1775
Db	55620 ----ATATTTAAAT	55675
Qy	1776 CTTCACATCAACATAGATGAATATGATTCAG--AATACATCTTTGCAAAATTTCAACA	1834
Db	55676 TATTAAGATATATATTTAT	55735
Qy	1835 ACACAGCTTAACTTTCTTCAACGATTTGGAATCCTTTCTTAACTTTTAAATATAA	1894
Db	55736 AAT	55795
Qy	1895 AAAATGCAATTTGTATATATTTTATCAACCTCACATTTGATGT	1939
Db	55796 TTAT	55840
RESULT 8		
US-10-240-453--206/C		
Sequence 206, Application US/10240453		
Publication No. US20030148326A1		
GENERAL INFORMATION:		
APPLICANT: OLEK, Alexander		
APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian		
APPLICANT: BERLIN, Kurt		
TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with DNA		
TITLE OF INVENTION: by Means of Assessing the Methylation Status of Genes Associated		
TITLE OF INVENTION: Transcription		
TITLE OF INVENTION: With DNA Transcription		
FILE REFERENCE: 5013.1009		
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/240,453		
CURRENT FILING DATE: 2002-10-02		
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/03973		
PRIOR FILING DATE: 2001-04-06		
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019058.8		
PRIOR FILING DATE: 2000-04-06		

[illegible]

QY	1548	ATGATATAATAGTATATCGAAGAAAGCAATATATATCTTTGTAATAACAGCGCTGCGTCAAA	1607
Db	4030	AAAAAAAACACAAATATTTACAAAACAAAATAATCTTACAAAATATTAATCTTTAAA	3971
QY	1608	TGGAGAGTTCATGTCGTATTCATATGTTTAAATATATAAGTAAATTTTAAATTAATGTTA	1667
Db	3970	AAACATTTAAATAATTAATTTAAAAACAAATATAAAACTAACTTAATTAATAAAAAA	3911
QY	1668	TTTTTGTTTCGAAATTTTAAATAATTAATTTAGAGCTGGGAAGTTCACGGGCATCTGA	1727
Db	3910	AAAACTTTCCTTTTAAACAAAAAATAATATATATATATATATTAATTAATAAAATTAAC	3851
QY	1728	GCAGACTAGACGTGTTTGGACAAATGATGTCCGGGTGATCATCTATGACCTTTCACTCAA	1787
Db	3850	TAAATTTATATATATTAACAAAACAAATAATCTTATTCATCTTAATTTATTTCTCTTAA	3791
QY	1788	ACTAGTAGAATTAATGCATTTCTAGAAATACATCTTTCAAAATTTCAACAACACAGCTTTAAC	1847
Db	3790	AACATTAATAAATCATCATCAACCAAAATTAATAATAATTAATTAATTTTCAAAA	3721
QY	1848	TTTTCTTTCACAGATTTGGAAATCCTTTTCTAACTTTTAAAAATAAAAATATGCATTAAT	1907
Db	3730	TTAAAAAATAAATAATTTCAAAATATATACCTTAAAAAATAAATAATATATTTTCTTAAAA	3671
QY	1908	TGTAATATTTTATTCACACACCTCAACATTTGA	1936
Db	3670	TTAAATATATAAATCACTACTACAAATTTAA	3642

RESULT 9

US-10-311-455-490/c

Sequence 490, Application US/10311455

Publication No. US20030143606A1

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: OLEK, Alexander

APPLICANT: PIPEBENROCK, Christian

APPLICANT: BERLIN, Kurt

TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with the Immune System by Determining

TITLE OF INVENTION: Cytosine methylation

FILE REFERENCE: 5013.1014

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/311,455

CURRENT FILING DATE: 2002-12-16

PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/07537

PRIOR FILING DATE: 2001-07-02

PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7

PRIOR FILING DATE: 2000-06-30

PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1

PRIOR FILING DATE: 2000-09-01

NUMBER OF SEQ ID NOS: 2424

SEQ ID NO 490

LENGTH: 5930

TYPE: DNA

ORGANISM: Artificial Sequence

FEATURE:

OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)

US-10-311-455-490

Query Match	3.5%	Score 71	DB 15	Length 5930
Best Local Similarity	46.4%	Pred. No. 0.011		
Matches 371	Conservative 0	Mismatches 420	Indels 8	Gaps 4

897 AATGTAACGTGATCTTAAGGACATAGAAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTACAGAAAT 956

5154 AATTAATAAATAAATAAATAATATATATAAACAATTACTTAAATTTATTAACAAAT 5095

957 TATAATTAACGAAATCATTTTATTAACATGTCCTCGGCTGCATTATATATAGGATCAC 1016

5094 ATTTTAAAAAATTTACTCATCAAACTTATCTAAAAACCTCAAACTCCCAATTTATAT 5035

1017 TTACTGATCATCCATTAAACCTTGTAAACAAATTTCAATGATGATTAATATCTTCA 1076

5034 CTAATTTATATATTTTCAAAACAAATATTTAAATTAACCAAAATTTACAAATTTAAATAAA 4975

Db	1714993	ATATATATATATTTTAAATAAATTGTAATATATATA-----TATTTTAAATATATATTTT	1715048
Qy	1285	GGTGGATTTTTTAATATATATAAAAATTCATATTTTGAGAAAAGTTTGAAATGATAGAT	1344
Db	1715049	ATATATATATATATTTTAAATATATATATTTTAAATATATATATATATATATATATATCT	1715108
Qy	1345	TGAATGGACATCCATATAAGGAAAAGTATAGAATTAATGGACAGAGGAGTAATAC	1404
Db	1715109	TTATATATATATTTTAAATATATATATTTTAAATATATATATTTATATATATTTTATATAT	1715168
Qy	1405	CTTATATGATATATATAATTTTTTGTAATTTGATTCATTAAGTTATTAATCTATGTATATA	1464
Db	1715169	ATATTTATATATATATATATTTTAAATATATATATTTTAAATATATATATTTTATATATAT	1715228
Qy	1465	TGATATATATATTTTAAAAAATATACATATTAATTCGATTAAGTCAATCCGCCTTT	1524
Db	1715229	TTTATATATATATTTTAAATATATATATTTTAAATATATATTTTAAATATATATTTTAAATA	1715288
Qy	1525	ATATTTTACAATCTAGTAATATGAAATAATCAGTAATCGAAAAGCAATATAATCT	1584
Db	1715289	TATATTTTATATATATATTTTAAATATATATATTTTAAATATATATATTTTATATAT-ATATAT	1715347
Qy	1585	TTGTAAAAACAGCCTCGGTCAAATGGGAGTCAATGATTCAAATAGTTTAAATATATAA	1644
Db	1715348	TTTATATGTAATTTTAAATATATATATATTTTAAATAGTAATTTTAAATATATATTTTATA	1715407
Qy	1645	AGTAAATTTTAAATTAATGTTATTTT	1671
Db	1715408	TGTATATTTTATATGTAATATTTTATAT	1715434

RESULT 11
US-10-027

```

Sequence 113786, Application US/10027632
Publication No. US20020198371A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Wang, David G.
TITLE OF INVENTION: Identification and Mapping of Single Nucleotide
POLYMORPHISMS IN THE HUMAN GENOME
FILE REFERENCE: 108827, 129
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/027,632
CURRENT FILING DATE: 2002-04-30
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 60/218,006
PRIORITY FILING DATE: 2000-07-12
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 60/198,676
PRIORITY FILING DATE: 2000-04-20
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 60/193,483
PRIORITY FILING DATE: 2000-03-29
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 60/185,218
PRIORITY FILING DATE: 2000-02-24
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 60/167,363
PRIORITY FILING DATE: 1999-11-23
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 60/156,358
PRIORITY FILING DATE: 1999-09-28
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 60/146,002
PRIORITY FILING DATE: 1999-08-09
NUMBER OF SEQ ID NOS: 325720
SOFTWARE: FASTSEQ for Windows Version 4.0
SEQ ID NO 113786
LENGTH: 3252
TYPE: DNA
ORGANISM: Human
OS-10-027-632-113786

```

	Query Match	Similarity	3.48%	Score 70	DB 13	Length 3252
	Best Local	43.6%	Pred. No. 0.014			
	Matches 474	Conservative	0	Mismatches 600	Indels 14	Gaps 3
QY	621	TTTGTAATATATACCTTACCACTTACCAAGAGATATTCGTAACTCTTAAAGCAGCAGA	680			
DB	2314	TTAATACCTACCAATTTTATATCTATATTAATGAGTTAATGTTTATACCTGTAATATA	2255			
QY	681	GACTTAGCTCAAAAATGACGCGCTGGTAACAGCCTTAGACTTGTCATCGATTAATATAGATA	740			

[illegible]

RESULT 12

```

US-10-027-632-113787/c
/ Sequence 113787, Application US/100237632
/ Publication No. US20020198371a1
/ GENERAL INFORMATION:
/ APPLICANT: Wang, David G.
/ TITLE OF INVENTION: Identification and Mapping of Single Nucleotide
/ POLYMORPHISMS IN THE HUMAN GENOME
/ FILE REFERENCE: 108827.129
/ CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/027.632
/ CURRENT FILING DATE: 2002-04-30
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/218, 006
/ PRIOR FILING DATE: 2000-07-12
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/198, 676
/ PRIOR FILING DATE: 2000-04-20
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/193, 483
/ PRIOR FILING DATE: 2000-03-29
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/185, 218
/ PRIOR FILING DATE: 2000-02-24
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/167, 363
/ PRIOR FILING DATE: 1999-11-23
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/156, 358
/ PRIOR FILING DATE: 1999-09-28
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/146, 002
/ PRIOR FILING DATE: 1999-08-09
/ NUMBER OF SEQ ID NOS: 325720
/ SOFTWARE: FASTSEQ for Windows Version 4.0
/ SEQ ID NO 113787
/ LENGTH: 3252
/ TYPE: DNA
/ ORGANISM: Human
US-10-027-632-113787

```

[illegible]

Db	1774	TATATATTATATATATTTTAAATATACCAATATTTTATATATATATATATTAATTCACAATA	1715
Oy	1208	AAGAAAAGTGCGTAAGGTACGGGACCACCAATATATATATATATATATATATATAGAAAAGTA	1267
Db	1714	TTTTATATATATATATATATTTTAAATATATCATATTTATATATATATATATATATATATACAA	1655
Oy	1268	GTTGAAGAAGTAGGGGCGGTGGATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT	1327
Db	1654	TATTTATATATATATATATATTTTATATATACAAATTTATATATATATATATATATATATATATAT	1595
Oy	1328	TTTGAAATGATATGAAATGAGTGGGACATCCATCAATAAAAAGAAAGTATAGAAATTAATGG	1387
Db	1594	TTTATATATATATATATATATGATTGATGCATACATATATATATATATATATATATATATATATAT	1535
Oy	1388	GACGAGGAGGTATATCTTTAT	1447
Db	1534	TTAAT	1475
Oy	1448	ATTAATCTATGTTTAT	1506
Db	1474	ATTAT	1415
Oy	1507	AGTCGATTCGCCCTTTTAT	1566
Db	1414	TATTTAT	1355
Oy	1567	GAAAGCAATATATATCTTTGTATTAACAGCGTTCGCAATGGGAAGTCAATGTATAT	1626
Db	1354	TTAT	1295
Oy	1627	CATATGTTTAT	1686
Db	1294	TAT	1235
Oy	1687	AAATTAAT 1694	
Db	1234	CAGTAAGT 1227	
RESULT 13			
US-10-027-632-113788/c			
; Sequence 113788, Application US/10027632			
; Publication No. US2002019837A1			
; GENERAL INFORMATION:			
; APPLICANT: Wang, David G.			
; TITLE OF INVENTION: Identification and Mapping of Single Nucleotide			
; FILE REFERENCE: Polymorphisms in the Human Genome			
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/027,632			
; CURRENT FILING DATE: 2002-04-30			
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/218,006			
; PRIOR FILING DATE: 2000-07-12			
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/198,676			
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-20			
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/193,483			
; PRIOR FILING DATE: 2000-03-29			
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/185,218			
; PRIOR FILING DATE: 2000-02-24			
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/167,363			
; PRIOR FILING DATE: 1999-11-23			
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/156,358			
; PRIOR FILING DATE: 1999-09-28			
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/146,002			
; PRIOR FILING DATE: 1999-08-09			
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 325720			
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0			
; SEQ ID NO 113788			
; LENGTH: 3252			
; TYPE: DNA			
; ORGANISM: Human			
; US-10-027-632-113788			


```

; PRIOR FILING DATE: 1999-08-09
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 325720
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO. 113787
; LENGTH: 3252
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Human
US-10-027-632-113787

Query Match      3.4%; Score 70; DB 17; Length 3252;
Best Local Similarity 43.6%; Pred. No. 0.01;
Matches 474; Conservative 0; Mismatches 600; Indels 14; Gaps 3;

QY      621 TTGTTAATATATATGTTTACCTTACCAAGAGATATGCTAATCTTTAGACGACAAG 680
DB      2314 TTAATACCTAACATTTTATTTACTTATATTAATGAAGTTTAATAGTTTATCTGTAATATA 2255
QY      681 GACTTAGGTCAAAAATGACGCGTGGTAAACGCCCTAGACTTGTCACGTATTAATAGATA 740
DB      2254 TATTTACGTGTATGATGCTACATAGATATGTTAAATATTAATTAATATATATAC 2195
QY      741 ATTGTTAGTATATATATAGTATGATCTACATGACATTTAAATTTAGCTATTAATTAAGT 800
DB      2194 ATATATATATTAATTAATTAATTAACAAATATATCATATATCATATTTATATATTTTATA 2135
QY      801 TACTA-----ATTAATAGAGAGGTTAGTAAACGAAACAGCTAAAAACAAG 848
DB      2134 TATATATACCATTAATTAATCTTATATTTAAAGCTATTTAATATATTTATTAATTAATTA 2075
QY      849 AGCTGCTGCTGCTGCTGCTTAACTGTTGCTGACCTATTTCTTTAAAGTAATTAAGTAACTGA 908
DB      2074 ATCTTATATATCTTATATGTTTAACTTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2015
QY      909 TCTAAAGACATAGAAATTTAGTACAGGTTA-AACTTTTAAAGAAATTTATATTTAAACG 967
DB      2014 TCTGGTTAATCTATTAATATATATAGTTAACCATTTTAAATATATTAATTAATTAATTAATTA 1955
QY      968 AAAATCATTTTATTAACATGCTCTCGGCTGCTATTTAATAGGATCACTTAGATCAT 1027
DB      1954 TCAATATATATATATATTAATTTTCAATTTTATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1895
QY      1028 CCATTTAAACCTTGTTAAACAATTTCAATGATTAATTAATCTTACAAATGAAGAAAGG 1087
DB      1894 ATTAATTTTATATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1835
QY      1088 ACAATGCTCTTGGAACAAAAACAATAGTATGCTCCGCTCCCTGCTGAATGATATACATA 1147
DB      1834 AATTTTATATATATTAATTTTATTAATTAACAAATATATTAATTTTAAATTAATTAATTAAT 1775
QY      1148 TGGATTGACACGAGACTTAAGAAAAATGTAATTAAGTATGATGAATTAAGAAAGAGAG 1207
DB      1774 TATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1715
QY      1208 AAGAAAATGGGTTAAAGTACGCGGACCCACAATTAATTAATGATTAATTTAGATTGAAAGATA 1267
DB      1714 TTTATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1655
QY      1268 GTTGAAGATGAGGGGTGGGATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTTAGCTATTTGAGAAAGT 1327
DB      1554 TATTTATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1595
QY      1328 TTGGAATGTATAGAAATGAGGCGGACATCCATTAAGAAAGAAAGTGTATGAATTAATTAAGG 1387
DB      1594 TTTATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1535
QY      1388 GACAGAGGAGTAAATCTTTATGATATATTAATTAATTTTGTATTTTGTGATTTGATTAAGATT 1447
DB      1534 TTTATATATGAATACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1475
QY      1448 ATTAATCTATGTTAAATAGATA-ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTGATTT 1506
DB      1474 ATTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1475

```


Qy 1507 AGTCATTACCGCCTTTTAATTTTACATACCTGAGTAATGAAATTAATCAGTTATCT 1566
Db 1414 TATTATGTAATGATTTTATTAATGTTATATATATATGCAATTAATATATATATA 1355
Qy 1567 GAAAGCAATATATATCTTTGTAACAGCGTTCGTCAAATGGAGTTCAATGTATTT 1626
Db 1354 TTAT 1295
Qy 1627 CAATAGTTTAAATTAAGTAATTTTAATTAATTTGTTATTTGTTTCAGAAATTTA 1686
Db 1294 TATATAGTTAGCAATTAATTAAGTTTACTATATTAATTAATTAATTAAGTTAA 1235
Qy 1687 AAATAAAT 1694
Db 1234 CAGTAAGT 1227

Search completed: March 15, 2005, 18:25:12
Job time : 1198.48 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 15, 2005, 10:33:10 ; Search time 7598.94 Seconds
(without alignments)
11023.765 Million cell updates/sec

Title: US-09-806-197-1

Perfect score: 2052
Sequence: 1 catgctgccccacagcaca.....gcataacatcctaataatc 2052

Scoring table: IDENTITY_NUC

Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 4554873 seqs, 20411521753 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 91109746

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

Pending Patents NA Main:*

1: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS1_COMB.seq:*
2: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS2_COMB.seq:*
3: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS3_COMB.seq:*
4: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS4_COMB.seq:*
5: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS5_COMB.seq:*
6: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS6_COMB.seq:*
7: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS7_COMB.seq:*
8: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS8_COMB.seq:*
9: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS9_COMB.seq:*
10: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS10_COMB.seq:*
11: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS11_COMB.seq:*
12: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS12_COMB.seq:*
13: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS13_COMB.seq:*
14: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS14_COMB.seq:*
15: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS15_COMB.seq:*
16: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS16_COMB.seq:*
17: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS17_COMB.seq:*
18: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS18_COMB.seq:*
19: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS19_COMB.seq:*
20: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS20_COMB.seq:*
21: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS21_COMB.seq:*
22: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS22_COMB.seq:*
23: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS23_COMB.seq:*
24: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS24_COMB.seq:*
25: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS25_COMB.seq:*
26: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS26_COMB.seq:*
27: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS27_COMB.seq:*
28: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS28_COMB.seq:*
29: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS29_COMB.seq:*
30: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS30_COMB.seq:*
31: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS31_COMB.seq:*
32: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS32_COMB.seq:*
33: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS33_COMB.seq:*
34: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS34_COMB.seq:*
35: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS35_COMB.seq:*
36: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS36_COMB.seq:*
37: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS37_COMB.seq:*
38: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS38_COMB.seq:*
39: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS39_COMB.seq:*
40: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS40_COMB.seq:*
41: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS41_COMB.seq:*
42: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS42_COMB.seq:*
43: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS43_COMB.seq:*

44: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS44_COMB.seq:*
45: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS45_COMB.seq:*
46: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS46_COMB.seq:*
47: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS47_COMB.seq:*
48: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS48_COMB.seq:*
49: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS49_COMB.seq:*
50: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS50_COMB.seq:*
51: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS51_COMB.seq:*
52: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS52_COMB.seq:*
53: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS53_COMB.seq:*
54: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS54_COMB.seq:*
55: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS55_COMB.seq:*
56: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS56_COMB.seq:*
57: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS57_COMB.seq:*
58: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS58_COMB.seq:*
59: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS59_COMB.seq:*
60: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS60_COMB.seq:*
61: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS61_COMB.seq:*
62: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS62_COMB.seq:*
63: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS63_COMB.seq:*
64: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS64_COMB.seq:*
65: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS65_COMB.seq:*
66: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS66_COMB.seq:*
67: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS67_COMB.seq:*
68: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS68_COMB.seq:*
69: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS69_COMB.seq:*
70: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS70_COMB.seq:*
71: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS71_COMB.seq:*
72: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS72_COMB.seq:*
73: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS73_COMB.seq:*
74: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS74_COMB.seq:*
75: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS75_COMB.seq:*
76: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS76_COMB.seq:*
77: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS77_COMB.seq:*
78: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS78_COMB.seq:*
79: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS79_COMB.seq:*
80: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS80_COMB.seq:*
81: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS81_COMB.seq:*
82: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS82_COMB.seq:*
83: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS83_COMB.seq:*
84: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS84_COMB.seq:*
85: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS85_COMB.seq:*
86: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS86_COMB.seq:*
87: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS87_COMB.seq:*
88: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS88_COMB.seq:*
89: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS89_COMB.seq:*
90: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS90_COMB.seq:*
91: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS91_COMB.seq:*
92: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS92_COMB.seq:*
93: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS93_COMB.seq:*
94: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS94_COMB.seq:*
95: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS95_COMB.seq:*
96: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS96_COMB.seq:*
97: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS97_COMB.seq:*
98: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS98_COMB.seq:*
99: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS99_COMB.seq:*
100: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS100_COMB.seq:*
101: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS101_COMB.seq:*
102: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS102_COMB.seq:*
103: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS103_COMB.seq:*
104: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS104_COMB.seq:*
105: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS105_COMB.seq:*
106: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS106_COMB.seq:*
107: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS107_COMB.seq:*
108: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS108_COMB.seq:*
109: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS109_COMB.seq:*
110: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS110_COMB.seq:*
111: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS111_COMB.seq:*
112: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS112_COMB.seq:*
113: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS113_COMB.seq:*
114: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS114_COMB.seq:*
115: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS115_COMB.seq:*
116: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS116_COMB.seq:*

Db	481	ATGTCAGCCATCAAAATTGACAAAACCGACACAACCTCATCCAGTACTACTT	540
Qy	541	TGCGCGAATGCTTCTCAAAATGTTTTTATGTATGTAAATATGCCATCCAGAGTAAGT	600
Db	541	TGCGCGAATGCTTCTCAAAATGTTTTTATGTATGTAAATATGCCATCCAGAGTAAGT	600
Qy	601	AAAATTCGGTTAAACCACTTTGTTAATATATGTTTACCTTACAAGAGATATTCGT	660
Db	601	AAAATTCGGTTAAACCACTTTGTTAATATATGTTTACCTTACAAGAGATATTCGT	660
Qy	661	AATACTTTTACGACACAAGACTTAGTCAAAAAATGAGCGCTGGTAAACAGCTAGCT	720
Db	661	AATACTTTTACGACACAAGACTTAGTCAAAAAATGAGCGCTGGTAAACAGCTAGCT	720
Qy	721	TGGTCACGTAAATATATGATATTTGTTAGTATATATATGATGATCTTCAATGACATTTAA	780
Db	721	TGGTCACGTAAATATATGATATTTGTTAGTATATATGATGATCTTCAATGACATTTAA	780
Qy	781	ATTAGAGCTATTAATTAAGTACTTAAATATATAGAGGTTAGTAAACGAAACGCTGA	840
Db	781	ATTAGAGCTATTAATTAAGTACTTAAATATATAGAGGTTAGTAAACGAAACGCTGA	840
Qy	841	AAAAACAAGGCTTGCTGCTGCTGTTAGTGTGAGCTCATTTCTTTAAAGTAATG	900
Db	841	AAAAACAAGGCTTGCTGCTGCTGTTAGTGTGAGCTCATTTCTTTAAAGTAATG	900
Qy	901	TAAACTGATCTTAAAGCACAATGAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTTACAAGATTTATA	960
Db	901	TAAACTGATCTTAAAGCACAATGAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTTACAAGATTTATA	960
Qy	961	TTAAACGAAATCAATTTTATATACATGCTCTCGCTGCTCATATATATAGGATCACTTAC	1020
Db	961	TTAAACGAAATCAATTTTATATACATGCTCTCGCTGCTCATATATATAGGATCACTTAC	1020
Qy	1021	TGATCATCATTAATAACCTTGTTAAACAAATTCATGAGATATTAATCTTACAATGAA	1080
Db	1021	TGATCATCATTAATAACCTTGTTAAACAAATTCATGAGATATTAATCTTACAATGAA	1080
Qy	1081	AAGAAGACAAATGCTCTTTGAAAAAACAATAGTACTCCCTCGCTCTGAAATGT	1140
Db	1081	AAGAAGACAAATGCTCTTTGAAAAAACAATAGTACTCCCTCGCTCTGAAATGT	1140
Qy	1141	ATATATATGATTTGGACACGAGACCTATAGAAAAATGTATTAAGTATGTATAGTAAAG	1200
Db	1141	ATATATATGATTTGGACACGAGACCTATAGAAAAATGTATTAAGTATGTATAGTAAAG	1200
Qy	1201	AAAGAGAAAGAAATGAGGTAAGTAAAGTAAAGCCGACCAATATATATGATAGATTAG	1260
Db	1201	AAAGAGAAAGAAATGAGGTAAGTAAAGTAAAGCCGACCAATATATATGATAGATTAG	1260
Qy	1261	AAAAAGTGTGAAGATGAGGGGGGGGGGATTTTATATATTAATAATTTTACTATTTTG	1320
Db	1261	AAAAAGTGTGAAGATGAGGGGGGGGGGATTTTATATATTAATAATTTTACTATTTTG	1320
Qy	1321	AGAAAGTTTGAATGTATAGAAATGAGTGGGACATCATAAAGGAAGGTRTAAAT	1380
Db	1321	AGAAAGTTTGAATGTATAGAAATGAGTGGGACATCATAAAGGAAGGTRTAAAT	1380
Qy	1381	TAAATGGGACAGAGGAGTAATACCTTTATGATATATTAATTTTGTATTTGATTTC	1440
Db	1381	TAAATGGGACAGAGGAGTAATACCTTTATGATATATTAATTTTGTATTTGATTTC	1440
Qy	1441	TAAATTTAATATCTATGTTATATATGATATATATTTTAAATTAATTACTATATATTT	1500
Db	1441	TAAATTTAATATCTATGTTATATATGATATATATTTTAAATTAATTACTATATATTT	1500
Qy	1501	CTGATTAGTCGATACCGCTTTTATATATTTTAAATCTGAGTATATGAATPAATCAG	1560
Db	1501	CTGATTAGTCGATACCGCTTTTATATATTTTAAATCTGAGTATATGAATPAATCAG	1560
Qy	1561	TTATCTGAAGACAATATATCTTTGTPAAACAGCGTGGTCAATGGGAAAGTTCAAG	1620
Db	1561	TTATCTGAAGACAATATATCTTTGTPAAACAGCGTGGTCAATGGGAAAGTTCAAG	1620

Qy	1621	TGTAATTCAAATAGCTTTTAATATATAAAAAAGTAATAATTTTAAATTAATGTATATTTTGTTCAGA	1680
Db	1621	TGTAATTCAAATAGCTTTTAATATATAAAAAAGTAATAATTTTAAATTAATGTATATTTTGTTCAGA	1680
Qy	1681	AATTTAAATAATTAATTAATGAGACATGGGAAGTTCACGGGCATCATGTGACGACACTAGACT	1740
Db	1681	AATTTAAATAATTAATTAATGAGACATGGGAAGTTCACGGGCATCATGTGACGACACTAGACT	1740
Qy	1741	GTTTGAACAATGTATATGCCGGGTACATCTATGACCTTTCAACTCAACTCAAACTAGTAATAT	1800
Db	1741	GTTTGAACAATGTATATGCCGGGTACATCTATGACCTTTCAACTCAAACTAGTAATAT	1800
Qy	1801	GCATCTTGAATATACATCTTTTCAAAATTTGCAACAAACACAGTTTAACTTTTCTTTCACG	1860
Db	1801	GCATCTTGAATATACATCTTTTCAAAATTTGCAACAAACACAGTTTAACTTTTCTTTCACG	1860
Qy	1861	GATTGGAATCCCTTTCTTAAACCTTTTAAAAATAAAAAATGACATTAATGTATATATTATC	1920
Db	1861	GATTGGAATCCCTTTCTTAAACCTTTTAAAAATAAAAAATGACATTAATGTATATATTATC	1920
Qy	1921	AACACCTCAAAATATGATGTATAGCTATCTAATAATAGGTGCTCTTGGTGCTCTACATCAT	1980
Db	1921	AACACCTCAAAATATGATGTATAGCTATCTAATAATAGGTGCTCTTGGTGCTCTACATCAT	1980
Qy	1981	CACATCAATCTTACACCAACAAACCTTAGCTAATTTTCTACTTAATTCACACCAATAAC	2040
Db	1981	CACATCAATCTTACACCAACAAACCTTAGCTAATTTTCTACTTAATTCACACCAATAAC	2040
Qy	2041	ATTCTAAATATC 2052	
Db	2041	ATTCTAAAGATC 2052	

	RESULT 3	
	US-09-806-197-5	
	; Sequence 5, Application US//09806197	
	; GENERAL INFORMATION:	
	; APPLICANT: NISHIKAWA, SATOMI	
	; APPLICANT: OEDA, KENJI	
	; TITLE OF INVENTION: PLANT PROMOTERS AND PLANT TERMINATORS	
	; FILE REFERENCE: 7372-70911	
	; CURRENT APPLICATION NUMBER: US//09/806,197	
	; CURRENT FILING DATE: 2001-03-27	
	; NUMBER OF SEQ ID NOS: 29	
	; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1	
	; SEQ ID NO 5	
	; LENGTH: 2056	
	; TYPE: DNA	
	; ORGANISM: Daucus carota	
	US-09-806-197-5	
Query Match	99.2%; Score 2034.8; DB 35; Length 2056;	
Best Local Similarity	99.7%; Pred. No. 0;	
Matches 2050; Conservative	0; Mismatches 2; Indels 4; Gaps 1	
QY	1 CATGTGTCCTCCACGACGACATAGGGCGTGTGGTTGAAGAAGCAGAGCTGCTTGCA	60
DB	1 CATGTGTGCCTCACGACGACATAGGGCGTGTGGTTGAAGAAGCAGAGCTGCTTGCA	60
QY	61 CTCTCTCTCTTTTTGACCTGTGTGTATAAAGAGTAATAATTAAAAAGCTGCGAA	120
DB	61 CTCTCTCTCTTTTTGACCTGTGTGTATAAAGAGTAGAATTTTTAAAAAGCTGCGAA	120
QY	121 TACTAACCTCTCTCTGCAAACTTCGCTTCTTTTCCAACAACCTTAATTAATTTTTTACT	180
DB	121 TACTAACCTCTCTCTGCAAACTTCGCTTCTTTTCCAACAACCTTAATTAATTTTTTACT	180
QY	181 TCCTAATTTACTACCATCTTCTTTGGCTATAGAAGAAAACACTTCTTTTAAGCTAACCCA	240
DB	181 TCCTAATTTCTACCTCACTTTTGTGCTATAGAAGAAAACACTTCTTTTAAGCTAACCCA	240
QY	241 AAGGCGCTCAATAAAGATCATTCATTAATGTATCTTTCATTTTGAAGTACATACGT	300

```

Db 241 AACGGCTCAATTAAGATCATTCATTAATGATCTTTCAATTTTGGATTAACAATACGT 300
Qy 301 GAACAGGGTTATTTTAAACGTGCAACAATCTTAATATTTTACCCTGGCGGTAAACA 360
Db 301 GAACAGGGTTATTTTAAACGTGCAACAATCTTAATATTTTACCCTGGCGGTAAACA 360
Qy 361 CGGTCTTCAAGTAATATTTTAAATTTTGTAGCCCTCTTTTAAACAATTCGATGC 420
Db 361 CGGTCTTCAAGTAATATTTTAAATTTTGTAGCCCTCTTTTAAACAATTCGATGC 420
Qy 421 AGACAGCTTAAGTGAATACACATTTGACTGTGAGTCTTTAAACAAGAACAGTGTTC 480
Db 421 AGACAGCTTAAGTGAATACACATTTGACTGTGAGTCTTTAAACAAGAACAGTGTTC 480
Qy 481 ATGCTACGCCATCAAAATTTGACAAAACCGACACAACCTATCCAGTACTATCTTT 540
Db 481 ATGCTACGCCATCAAAATTTGACAAAACCGACACAACCTATCCAGTACTATCTTT 540
Qy 541 TGGCCGAATGCTTCTCAAAATGTTTTTATGTAAATTAATGCGCATCCAGATTAAGT 600
Db 541 TGGCCGAATGCTTCTCAAAATGTTTTTATGTAAATTAATGCGCATCCAGATTAAGT 600
Qy 601 AAAATTCGGTTTAAACAGTTTGTATATATATATGTTTACACTTACAGAGATATTCGT 660
Db 601 AAAATTCGGTTTAAACAGTTTGTATATATATATGTTTACACTTACAGAGATATTCGT 660
Qy 661 AATACTTTTAAAGCAGACAGACTTAAGTGTCAAAATTTGACAGCTGTAAACAGCTTAC 720
Db 661 AATACTTTTAAAGCAGACAGACTTAAGTGTCAAAATTTGACAGCTGTAAACAGCTTAC 720
Qy 721 TGGTCACTGAATTAATGATTAATTTGATTAATATAGATCTTAATGATCAATTA 780
Db 721 TGGTCACTGAATTAATGATTAATTTGATTAATATAGATCTTAATGATCAATTA 780
Qy 781 ATTAGAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 840
Db 781 ATTAGAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 840
Qy 841 AAAACAAGCTTGTCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 900
Db 841 AAAACAAGCTTGTCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 900
Qy 901 TAAACGATCTAAGACATAGAAATTTTGTACAGTTAAACTTTTACAGAAATTA 960
Db 901 TAAACGATCTAAGACATAGAAATTTTGTACAGTTAAACTTTTACAGAAATTA 960
Qy 961 TTAACGAAATCATTTTAAACATGTCTCTCGCTGTCAATTAATAGGATCACTTAC 1020
Db 961 TTAACGAAATCATTTTAAACATGTCTCTCGCTGTCAATTAATAGGATCACTTAC 1020
Qy 1021 TGAATCATCAATTAACCTTTGTTAAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1080
Db 1021 TGAATCATCAATTAACCTTTGTTAAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1080
Qy 1081 AAGAAGGACAAATCTCTTTGAAAAACAATAGTATCTCCCTCCCTCTGAAATGT 1140
Db 1081 AAGAAGGACAAATCTCTTTGAAAAACAATAGTATCTCCCTCCCTCTGAAATGT 1140
Qy 1141 ATACATATGATTTGACACGAGACCTAAGAAAAATGTATTAAGTATGTAAGTAAAG 1200
Db 1141 ATACATATGATTTGACACGAGACCTAAGAAAAATGTATTAAGTATGTAAGTAAAG 1200
Qy 1201 AAAAGAAAAGAAAGTGGTAAAGTAAAGCGGACCCACAATATATATGATTAAGT 1260
Db 1201 AAAAGAAAAGAAAGTGGTAAAGTAAAGCGGACCCACAATATATGATTAAGT 1260
Qy 1261 AAAAGTATGTAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGT 1320
Db 1261 AAAAGTATGTAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGT 1320
Qy 1321 AGAAAGTTTGAATATGATTAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGT 1380

```

```

Db 1321 AGAAAGTTTGAATATGATTAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGT 1380
Qy 1381 TAAATGGGACAGAGGGAGTAATACCTTTATGATTAATTAATTTTGTATTTGATTTCA 1440
Db 1381 TAAATGGGACAGAGGGAGTAATACCTTTATGATTAATTAATTTTGTATTTGATTTCA 1440
Qy 1441 TAAATTTAAATCTATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
Db 1441 TAAATTTAAATCTATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
Qy 1501 CTGATTAATGATTAATACCGCTTTTATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1560
Db 1501 CTGATTAATGATTAATACCGCTTTTATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1560
Qy 1561 TTAATCTGAAGCAATTAATATCTTTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1620
Db 1561 TTAATCTGAAGCAATTAATATCTTTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1620
Qy 1621 TGAATTCATATGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1680
Db 1621 TGAATTCATATGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1680
Qy 1681 AATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1740
Db 1681 AATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1740
Qy 1741 GTTTGAACAATGATGTCGGGTGATCATCTATGACCTTCAACTCAATGATTAAT 1800
Db 1741 GTTTGAACAATGATGTCGGGTGATCATCTATGACCTTCAACTCAATGATTAAT 1800
Qy 1801 GCAATTCAGTAAATGATGTCGGGTGATCATCTATGACCTTCAACTCAATGATTAAT 1860
Db 1801 GCAATTCAGTAAATGATGTCGGGTGATCATCTATGACCTTCAACTCAATGATTAAT 1860
Qy 1857 AACGATTTGAATCCTTTTCTAACTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1916
Db 1857 AACGATTTGAATCCTTTTCTAACTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1916
Qy 1917 TATCAACACCTCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1976
Db 1917 TATCAACACCTCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1976
Qy 1977 TATCAATCAATCTTACACCAACAACCTTGAGCTTAATTTTCTAATTTCTGACAA 2036
Db 1977 TATCAATCAATCTTACACCAACAACCTTGAGCTTAATTTTCTAATTTCTGACAA 2036
Qy 2037 TAAATTTCTAATTAATTC 2052
Db 2037 TAAATTTCTAATTAATTC 2052
Qy 2041 TCACATTTTAAAGATC 2056
Db 2041 TCACATTTTAAAGATC 2056

```

```

RESULT 4
US-09-806-197-3
; Sequence 3, Application US/09806197
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: NISHIKAWA, SATOMI
; TITLE OF INVENTION: PLANT PROMOTERS AND PLANT TERMINATORS
; FILE REFERENCE: 7372-70911
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/806,197
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 29
; SOFTWARE: Patentin Ver. 2.1
; SEQ ID NO 3
; LENGTH: 2048
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Daucus carota
US-09-806-197-3

```

```

Query Match 99.0%; Score 2030.8; DB 35; Length 2048;
Best Local Similarity 99.7%; Pred. No. 0;
Matches 2046; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 4; Gaps 1;

```

QY	1	CAGTGTGGCCCTACAGACATAGAGGCTGTTTGGTTGAGAGAGCAAGAACTGCTTCTGA	60
Db	1	CAGTGTGGCCCTACAGACATAGAGGCTGTTTGGTTGAGAGAGCAAGAACTGCTTCTGA	60
QY	61	CTTCTTCTCTTTTGAAGCTGTTGTAATTAAGAAAGTGAATTTTTTAAAGAGCGGAA	120
Db	61	CTTCTTCTCTTTTGAAGCTGTTGTAATTAAGAAAGTGAATTTTTTAAAGAGCGGAA	120
QY	121	TACTAATCTCTCTCAACAACCTTCGGCTCTTTTCCAAACACTTTATTAACCTTTTAACT	180
Db	121	TACTAATCTCTCTCAACAACCTTCGGCTCTTTTCCAAACACTTTATTAACCTTTTAACT	180
QY	181	TCTCATTTCTACCTCACTCTTTGCTAATAAGAAAGAAATCACTTTTAAAGTAAACCA	240
Db	181	TCTCATTTCTACCTCACTCTTTGCTAATAAGAAAGAAATCACTTTTAAAGTAAACCA	240
QY	241	AAAGGCTCAATTAAGATCAATTAATGTATCTTTCAATTTTAGATTAACAATAGT	300
Db	241	AAAGGCTCAATTAAGATCAATTAATGTATCTTTCAATTTTAGATTAACAATAGT	300
QY	301	GAAACAGGTTATTTTAACTGTGTCAACAAATTCATTAATTTAACTGGCCGTGAACA	360
Db	301	GAAACAGGTTATTTTAACTGTGTCAACAAATTCATTAATTTAACTGGCCGTGAACA	360
QY	361	CCGTCTTCCAATATATATTTAAATTTTGGCTCCCTTTTAAACAAATTCGACATG	420
Db	361	CCGTCTTCCAATATATATTTAAATTTTGGCTCCCTTTTAAACAAATTCGACATG	420
QY	421	AGGACGACTAGTAAATACATTTGATCTGTAGCTTTTAAACAAAGCAAGTGTTC	480
Db	421	AGGACGACTAGTAAATACATTTGATCTGTAGCTTTTAAACAAAGCAAGTGTTC	480
QY	481	ATGCTACGCAATCAAAATTTGACAAACCCGACACACACTCTATCCAGTACTATCTT	540
Db	481	ATGCTACGCAATCAAAATTTGACAAACCCGACACACACTCTATCCAGTACTATCTT	540
QY	541	TGGCCGAATGCTTCAAAATGTTTTTTTAAATGTAATTAATGCCCATCCAGATTAAGT	600
Db	541	TGGCCGAATGCTTCAAAATGTTTTTTTAAATGTAATTAATGCCCATCCAGATTAAGT	600
QY	601	AAATTCCTGTTTAAACAGTTTGTAAATATATATGTTTACACTTACAAGAGATTTGGT	660
Db	601	AAATTCCTGTTTAAACAGTTTGTAAATATATATGTTTACACTTACAAGAGATTTGGT	660
QY	661	AAATCTTTTAAAGACAAAGACCTTAGCTCAAAATATGACGCTGGTAAACAGCTTAGCT	720
Db	661	AAATCTTTTAAAGACAAAGACCTTAGCTCAAAATATGACGCTGGTAAACAGCTTAGCT	720
QY	721	TGGTCACTGAATTAAGATAATTTGTATATATATATAGTAGATCTACATGACATTTAA	780
Db	721	TGGTCACTGAATTAAGATAATTTGTATATATATATAGTAGATCTACATGACATTTAA	780
QY	781	ATTAGACGTATTAATTAGTTATCTAATTAATAAGAGAGGTTAGTAAACGAAGACAGTA	840
Db	781	ATTAGACGTATTAATTAGTTATCTAATTAATAAGAGAGGTTAGTAAACGAAGACAGTA	840
QY	841	AAAAACAAGCTTGTCTGTGTGTATGTGTGTGACCTATTTCTTTAAAGTAATG	900
Db	841	AAAAACAAGCTTGTCTGTGTGTATGTGTGTGACCTATTTCTTTAAAGTAATG	900
QY	901	TAAATGATCTTAAAGCATAAGAAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTTACAGAAATTTATA	960
Db	901	TAAATGATCTTAAAGCATAAGAAATTTAGTACAGGTTAAACCTTTTACAGAAATTTATA	960
QY	961	TTAAACGAATCATTTTATATACATGCTCTGGGCTCATTAATAAGGATCACTTAC	1020
Db	961	TTAAACGAATCATTTTATATACATGCTCTGGGCTCATTAATAAGGATCACTTAC	1020
QY	1021	TGATCATTCATTAACCTTTGTTAAACAAATTCATGATGATTAATAATCTTACATGAA	1080
Db	1021	TGATCATTCATTAACCTTTGTTAAACAAATTCATGATGATTAATAATCTTACATGAA	1080
QY	1081	AAAGAGACATGTCTTTGAAAAACAAATAGGTACTCCCTCCGTCCCTGAAAAATG	1140

Db	1077	AAGAGGACATGTCTCTTTGAAAAACAAATGGACTCCCTCGCTCTGTGAAGT	1136
Qy	1141	ATACATATGATTTGACAACGAGACTAAGAAAAATGTATTAAGTATAGAGTAAAAAG	1200
Db	1137	ATACATATGATTTGACAACGAGACTAAGAAAAATGTATTAAGTATAGAGTAAAAAG	1196
Qy	1201	AAAGAGAAAAAAGGGGTAAAGTACGGGGACCCACCAATATATATATGATAGATTAG	1266
Db	1197	AAAGAGAAAAAAGGGGTAAAGTACGGGGACCCACCAATATATATATGATAGATTAG	1256
Qy	1261	AAAAAGTATGAAAGTACGTGGGTGGGTGGGATTTTATATATATAAAAATTTACTATTG	1320
Db	1257	AAAAAGTATGAAAGTACGTGGGTGGGTGGGATTTTATATATATAAAAATTTACTATTG	1316
Qy	1321	AGAAAGTTTGAATGTATAGATTGAGTGGGACATCCATAAAGAAAGTATAGAAAT	1380
Db	1317	AGAAAGTTTGAATGTATAGATTGAGTGGGACATCCATAAAGAAAGTATAGAAAT	1376
Qy	1381	TAAATGGGACAGAGGAGTAATACCTTTATAGATATATATATTTTGTATTTGATTTC	1440
Db	1377	TAAATGGGACAGAGGAGTAATACCTTTATAGATATATATATTTTGTATTTGATTTC	1436
Qy	1441	TAAATTTAAATCTATGTATTAATAGATATATATATTTTAAAAATATACATATTAAT	1500
Db	1437	TAAATTTAAATCTATGTATTAATAGATATATATATTTTAAAAATATACATATTAAT	1496
Qy	1501	CTGATTAAGCGATTACCGGCTTTATATATTTTACATACCTGAGTATATGATTAATCAG	1560
Db	1497	CTGATTAAGCGATTACCGGCTTTATATATTTTACATACCTGAGTATATGATTAATCAG	1556
Qy	1561	TTATCTGAAAAGCAATATATCTTTGTGAAAAACAGCGTTGGGTCAATGGGAATTCAG	1620
Db	1557	TTATCTGAAAAGCAATATATCTTTGTGAAAAACAGCGTTGGGTCAATGGGAATTCAG	1616
Qy	1621	TGTATTCATATAGTTTAAATATATATATATATATATTTTAAATTAATTTTGTTCACA	1680
Db	1617	TGTATTCATATAGTTTAAATATATATATATATATATTTTAAATTAATTTTGTTCACA	1676
Qy	1681	AATTTAAATATATATATGACATGGGACATGGGACATGATGAGACGACTAGACT	1740
Db	1677	AATTTAAATATATATATGACATGGGACATGGGACATGATGAGACGACTAGACT	1736
Qy	1741	GTTTGAACATATGATGTCGGGTGACATCTATGACCTTTCAACTCAACTAGTGAATAT	1800
Db	1737	GTTTGAACATATGATGTCGGGTGACATCTATGACCTTTCAACTCAACTAGTGAATAT	1796
Qy	1801	GCATTCATGAATATCATCTTTTCAAAATTTGACAAACACAGCTTTAACTTTCTTCAAG	1860
Db	1797	GCATTCATGAATATCATCTTTTCAAAATTTGACAAACACAGCTTTAACTTTCTTCAAG	1856
Qy	1861	GATTGGAATCCTTTTCTAAACTTTTAAATATATATATATATATATGATATATATATC	1920
Db	1857	GATTGGAATCCTTTTCTAAACTTTTAAATATATATATATATATATGATATATATATC	1916
Qy	1921	AAACCTCAACATTTGATGTTAGGTCATATTAATAGTGTCTTGGGTCTACTATCAT	1980
Db	1917	AAACCTCAACATTTGATGTTAGGTCATATTAATAGTGTCTTGGGTCTACTATCAT	1976
Qy	1981	CACATCATCTTTACACACAAACCTTGAAGCTTAATTTTCTACTTAATCTGACAAATAC	2040
Db	1977	CACATCATCTTTACACACAAACCTTGAAGCTTAATTTTCTACTTAATCTGACAAATAC	2036
Qy	2041	ATTCTAATATTC 2052	
Db	2037	ATTCTAATATTC 2048	
RESULT 5			
US-09-806-197-4			
/ Sequence 4, Application US/09806197			
/ GENERAL INFORMATION:			
/ APPLICANT: NISHIKAWA, SATOMI			

RESULT 5
US-09-806-197-4
; Sequence 4, Application US/09806197
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: NISHIKAWA, SATOMI

ORGANISM: Dacus carota L.
INDIVIDUAL ISOLATE: Kuroda Gosun
FEATURE:
NAME/KEY: promoter
LOCATION: 1..247
US-09-300-487-1

Query Match 9.6%; Score 196.6; DB 20; Length 247;
Best Local Similarity 89.6%; Pred. No. 1.8e-23;
Matches 223; Conservative 0; Mismatches 24; Indels 2; Gaps 1;

QY 1804 TTCTAGAAATACATCTTTTCAAAATTCACACACAGCTTAACTTTCTTCAACGAT 1863
DB 1 TTCTAGAAATATATCTTTGAAATTTCAACACACAGCTTAACTTTCTTCAACGAT 60
QY 1864 TGAATCCTTTTAACTTTTAAATATAAATATGATTTTGTATATTTATCAAC 1923
DB 61 TAGAATCGTTCTTAACTTTTAAATTT--AAAAATACATTAATAATATTTATCAAC 118
QY 1924 ACCTCAACATGATGTTAGGCTACTTAATAGTAGTGTGCTGCTACTATCAAC 1983
DB 119 ACCTCAACATTCATGTTAGGCTACTTAATAGTAGTGTGCTGCTACTATCAAC 178
QY 1984 ATCAATCTTACACACACAACTTGAATTTTCTACTTATCTCAACAAATCAAT 2043
DB 179 ATCAATCTTACACACAACTTGAATTTTCTACTTATTTTACAAACAAAT 238
QY 2044 CTAAATATC 2052
DB 239 CTAAAGTC 247

RESULT 8

US-10-473-126-386
Sequence 386, Application US/10473126
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Epigenomics AG
TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell
FILE REFERENCE:
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/473,126
CURRENT FILING DATE: 2003-09-26
NUMBER OF SEQ ID NOS: 1258
SEQ ID NO 386
LENGTH: 8056
TYPE: DNA
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-473-126-386

Query Match 4.8%; Score 99.4; DB 55; Length 8056;
Best Local Similarity 44.5%; Pred. No. 1.2e-06;
Matches 624; Conservative 0; Mismatches 761; Indels 18; Gaps 5;

QY 548 AAGCTTCTGAAATGTTTTTATATATATGTTTACCTTACAGAGATATTC 607
DB 1975 ATTAAATTAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 2034
QY 608 CGGTAAACAGTTGTTTATATATATGTTTACCTTACAGAGATATTC 667
DB 2035 ATTTTAAATTTTATTTTATTTTAAATTTTATTTTAAATTTTATTTTAAATTTT 2094
QY 668 TTAGACGACAGAGCTTGAAGTCAAAATGAGCGTGTAAACAGCTTGTGTCAC 727
DB 2095 AATTAATTAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 2154
QY 728 TGAATTAATGATATGTTAGTATATATATGTTTACCTTACAGAGATATTC 787
DB 2155 TAAATTAATTTTATTTTATTTTAAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 2214
QY 788 CTATTAATTAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 847

DB 2215 AAAAAAAAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2274
QY 848 GAGCTTGTGCTGTGTTAGTTGTTGAGCTATTC-----TTTAAAGTATGT 901
DB 2275 AATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2334
QY 902 AAATGATCTAAAGACATGAAATTTAGTACAGTTAAACCTTTTACAGAAATTTATAT 961
DB 2335 AATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2394
QY 962 TAAAGAAAATCTTTTATTAACATGCTCTCGCTGCTATTAATTAAGGATCACTTACT 1021
DB 2395 TATTTTGAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2451
QY 1022 GATCATCACTTAAACCTGTTTAAACCAATCAAGATTAATATCTTACATGAAA 1081
DB 2452 TATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2511
QY 1082 AGAAGACATGCTCTTTGAAAAAACAATAGTACTCCCTCCCTGTAATGTA 1141
DB 2512 AATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2571
QY 1142 TACATATGATTTGACACGAGACATAAATAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTA 1201
DB 2572 TTTTAAAAAATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2631
QY 1202 AAGAGAAAGAAATGCTGTTAAAGTACGGGACCCACATATATATTTGATTAAGTA 1261
DB 2632 AAAAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2691
QY 1262 AAGTATGTAATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1321
DB 2692 TAAATTTATTTTATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2747
QY 1322 GAAAGTTTGAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTA 1381
DB 2748 AAAAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2807
QY 1382 AATGAGACAGAGGATTAATCTTATGATATTAATTTTGTATTTGATTTGATTTGAT 1441
DB 2808 AATTTGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2865
QY 1442 AAGATTAATTAATCTATGTTATATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1501
DB 2866 TTTATGAAAAATTTTGTGAAAAATTAATTAATTTGAAAAATTAATTAATTTGAAAA 2925
QY 1502 TGAATGATTAACCGCTTTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1561
DB 2926 AATTTTATGAAATGTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2985
QY 1562 TATCTGAAAAAGCAATTAATCTTTGTAAACAGCGTGGCTCAATGGGAATTCATGT 1621
DB 2986 TTGAAAAAATGTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 3045
QY 1622 GATTAATGATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1681
DB 3046 TAAATTAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 3105
QY 1682 ATTTAAATTAATTTTATTAAGATGGAAGTCAACGGACATATGACAGACATGACTG 1741
DB 3106 AATTAATTAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 3165
QY 1742 ---TTTGAACATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1798
DB 3166 AATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 3225
QY 1799 ATGATTTAGATATACATCTTTCAATTTCAACAACAGCTTAACTTTCTTTCAA 1858
DB 3226 AATTTATTAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 3285
QY 1859 CGGATGGAATCTTTCTTAACTTTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAA 1918
DB 3286 AATTTTGTATGTTGTTGTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 3345

QY	967	GAAATCATTTTAAACATGCTCCGGCTGTCATATATATAGGATCAGTACATCA	1026
Dp	1777	AATTAAAAATTAAATTACGTATATATTTAATTTAATTAATAAATAAATTCGTTTA	1836
QY	1027	TCCATTAACCTGTGTTAAAACAATTCATAGATATAAATCTTACATGAAGAAG	1086
Dp	1897	AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTTTATTTTAAATAT	1896
QY	1087	GACATGCTCTTTGAAAAAACAAATAGTACTCCCTCCGTCCTGAAATGTAATCAT	1146
Dp	1897	AAAAATAAAAATTTTATAAAAAAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1956
QY	1147	ATGATTTGACACGGAGACTAAGAAAAATGTATAAAGTATGTAGATRAAAGAAAG	1206
Dp	1957	AATTTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTTTATTTTAAAAATTTAATTAATTAAT	2016
QY	1207	A-----AAGAAAAGTGGTAAAGTACCGGACCCACCAATATATTAATGATAGAT	1256
Dp	2017	ATATTTAAAAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAAATTTTATTAATTAAT	2076
QY	1257	TTAAGAAAAGTGTGAAAGTATGAGTGGGTGGGATTTTATATTAATAAATTTACAT	1316
Dp	2077	ATTTTAAATTTATTAATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2136
QY	1317	TTTGAGAAAGTTTGAATATGTATAGAAATGTAGTGGGACATCATTAAGAAGATGTATA	1376
Dp	2137	TTTATTTAAAAATTAATAAATTAATAAATTAATAAATTAATAAATTTTAAATTTTAAAAAA	2196
QY	1377	GAAATTAATGGGACAGAGGAGTAATACCTTATGATATATTAATTTTGTAAATTTGAT	1436
Dp	2197	ACGAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	2256
QY	1437	TTCAATTAAGATATATAATCTATGTATATAATGATATATAATTTTAAAAATATACATAT	1496
Dp	2257	TTTAAAAATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	2316
QY	1497	AATTCGTATATGCGATTAACCGCCTTTATATATTTTAAACAATACGATGAATGAATAA	1556
Dp	2317	AATTTTCGTATTAATAATTAATTTATTTAAATTTTAAATATATATTTTATTTTATTAATA	2376
QY	1557	TCAGTATCTGAAAAGCAAT-----AATACTCTTGAACAAGCGTTCGTCAAATGG	1610
Dp	2377	TAAATTTATTAATTTTATTTATTTTTCGAAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	2436
QY	1611	GAACTTCACTGTATCTCATAGTTTAAATATAAAGTAATTTTAAAT-----AATGTT	1666
Dp	2437	AAAAATTAATTTTATTTTATTTTATTTTATTAATAATTTTATTAATTTTATTAATTAAT	2496
QY	1667	ATTTTGTGTTTCAGAAATTTAAATAAATTAATTTAGCATGGAGATTCACGGCATCATTG	1726
Dp	2497	AAAAATTAATTAACGAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATTA	2556
QY	1727	AGCAGCACTAGACTGTTTGAACAATGTAATGTCGGGTGACATCTATGACCTTTCACTCA	1786
Dp	2557	AAAAATTAATAAATAAATTTTAAAAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	2616
QY	1787	AATAGTGAATTAATGACATTTAGATATACATCTTTTCAAAATTTCAACAACAACAGCTTTAA	1846
Dp	2617	AATTAATTTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	2676
QY	1847	CTTTTCTTTCAACGATTTGAATCCCTTTCTAAACCTTTTAAATTAATAAATAAATGACATTA	1906
Dp	2677	AT-----TTTTAAATTTTATTTTAAATTTATTTATTTTATTTTATTAATAAATAAATTCGTTA	2732
QY	1907	TTGTAATTTTATGACACCTCAACATGATGATGAGCT 1945	
Dp	2733	AATTAATTTATTAATAAATAAATAAATAAATAAATTTAATGCT 2771	

RESULT 11
US-10-473-126-386/c
; Sequence 386, Application US/10473126

[illegible]

```

Db      6777 TTTATATTTTTCATTATTAATTTT- AATTTTTTTTAAATTCATATTCATAAATTAAT 6720
Qy      1567 GAAAGCAATATATATCTTTGTAAGACGCTCGTCAAAATGGAGTCAATGTAT 1626
Db      6719 TATTAATCAACATTAATAAACAATAAAAAATTTATTTTAAATTAATTAATAA 6660
Qy      1627 CAATAGTTTAAATATTAAGTAATTTAAATTAATTTATTTTGTTCAGAAATTA 1686
Db      6659 TTTAAATTTTCATATTAATAAACAATAAATTAATAATTAATTAATTAATAAAT 6600
Qy      1687 AATATAATTTGAGACATGGAGTTCA 1714
Db      6599 AATATAATTTTTCATTTTAAATTTA 6572

```

```

RESULT 12
US-09-806-197-2/c
; Sequence 2, Application US/09806197
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: NISHIKAWA, SATOMI
; APPLICANT: OEDA, KENJI
; TITLE OF INVENTION: PLANT PROMOTERS AND PLANT TERMINATORS
; FILE REFERENCE: 7372-70911
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/806,197
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 29
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 2
; LENGTH: 851
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Daucus carota
US-09-806-197-2

```

```

Query Match
Best Local Similarity 4.3%; Score 88.6; DB 35; Length 851;
Matches 221; Conservative 0; Mismatches 119; Indels 31; Gaps 3;

Qy      3 TGTGTCCCTCAGACATAGGCGCTGTGGTGAAGACGAAAGCTGCTTGACT 62
Db      715 TGTGTCTCATTTCTCATTTAGATTAACATCTTATTAAGAGTAACTCCAGCTTTTGGCT 656
Qy      63 TCTTCTCTTTGACCTTTTGTATTAAGAGT-AGAAATATTTTAAAGCTGGAGAT 121
Db      655 TCCACTTTCTTGACCGCTTTGTATAAAGTAAGAGTACTTTTAAGAGCGTGA 596
Qy      122 ACTAATCTC-----TCTCAACAATTCGCTTCTTTTCCAAACA 161
Db      595 AATAGTTGAAGTAGAATAATGTAAGTCTTTTCAACTTCTATTTCTTTTCCAAACA 536
Qy      162 CTTTATTAACCTT-----TTTACTTCTATTTTACTCTCACTTCTTTGCTATTAAG 211
Db      535 CTTTATTAACCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 476
Qy      212 CAAGAAATCACTTCTTTTAAGTAACTAACCAAGCGCTCAATTAAGATCATTAATTAAG 271
Db      475 TAAAGATCACTTTTAAAGTAACTAACCAAGCGCTCAATTAAGATCATTAATTAAG 416
Qy      272 TATCTTCAATTTTAAAGTAACTAACCAAGCGCTTATTTTAAAGTCAAGTCAAGAA 331
Db      415 ACTTATCTCTTCTCTCTTTTCTATTTGTGTGTAATAAATACTTTGACGATCCCGTA 356
Qy      332 TTTCAATTAATTT 342
Db      355 TTCTCTCTATTT 345

```

```

RESULT 13
US-10-473-126-240/c
; Sequence 240, Application US/10473126
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: BpiGenomics AG
; TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell

```

```

; TITLE OF INVENTION: proliferative disorders
; FILE REFERENCE:
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/473,126
; CURRENT FILING DATE: 2003-09-26
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 1258
; SEQ ID NO 240
; LENGTH: 8056
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-473-126-240

```

```

Query Match
Best Local Similarity 4.3%; Score 88.6; DB 55; Length 8056;
Matches 442; Conservative 0; Mismatches 519; Indels 12; Gaps 3;

Qy      736 AGATAATTTGTAGTAAATATATAGTATGATCTACATGACATTAATAATTAAGCTATTAAT 795
Db      1399 ATATATTTTATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1340
Qy      796 TAAGTACTAATAATAATAAGAGGTTAGTAACAGAAAGCAGGTAAACAGAGCTTGC 855
Db      1339 TATTAATAAATAATAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 1280
Qy      856 TCGTGTGTGTAGTGTGTGTGAGCTCATTTCTTTAAAGTAATGTAACTGATCTAAAG 915
Db      1279 TATATATTAATAATATATAGTAACTGTAACGTTTATTTTGTGAAATAATTTTATATTA 1220
Qy      916 CACATAGAAATTTGTAACAGGTTAAACCTTTACAGAAATTTATATTAACGAATAATCAT 975
Db      1219 AAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 1160
Qy      976 TTTAATAACATGCTCTCGGCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1035
Db      1159 TTAATTTTAAATTTTTCGAATATGCAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1100
Qy      1036 ACCTTGTAAACAATCAATGATTAATAATATCTTACATGAAGAAGACAAATGTC 1095
Db      1099 AAGCTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1040
Qy      1096 TCTTTGAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1155
Db      1039 AATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 980
Qy      1156 ACAAGAGCTAAGAAATAATGTAAAGTAATGTAAAGTAATGTAAAGTAATGTAAAGTA 1215
Db      979 TTTTATTCGTTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 920
Qy      1216 TGGGTAAAGTAGCGGAGCCCAACAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1275
Db      919 GACGAAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 860
Qy      1276 TNGGTGGGTGGGAGTTTATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1334
Db      856 TAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 800
Qy      1335 TGTATAGATTAAGTGGAGATCATCAATAAAGAAAGTATGAATTAATGAAGGAGCAGAG 1394
Db      799 AATATATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 740
Qy      1395 GAGATTAATCTTATGATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1448
Db      739 TATATATTAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 680
Qy      1449 TAAATCTATGTAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1508
Db      679 TTTTATTTTATTTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 620
Qy      1509 TCGATTACCGCCTTTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1563
Db      619 TATATATATATTTTATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 560

```


[illegible]

Search completed: March 15, 2005, 17:31:32
Job time : 7607.94 secs


```
/ Sequence 568, Application US/10517441
/ GENERAL INFORMATION:
/ APPLICANT: FOKENS, John
/ APPLICANT: HARBEC, Nadia
/ APPLICANT: KOENIG, Thomas
/ APPLICANT: MAIER, Sabine
/ APPLICANT: MARTENS, John
/ APPLICANT: MODEL, Fabian
/ APPLICANT: NIMMICH, Inko
/ APPLICANT: RUDAN, Tamas
/ APPLICANT: SCHMITT, Armin
/ APPLICANT: SCHMITT, Manfred
/ APPLICANT: LOOK, Maxime P.
/ APPLICANT: MARX, Almu
/ APPLICANT: HOEPFLER, Heinz
/ TITLE OF INVENTION: Method and nucleic acids for the improved treatment of breast cell
/ FILE REFERENCE: 47675-93
/ CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10517,441
/ PRIOR FILING DATE: 2004-12-11
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP2003/010881
/ PRIOR FILING DATE: 2003-10-01
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10317955.0
/ PRIOR FILING DATE: 2003-04-17
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10300096.8
/ PRIOR FILING DATE: 2003-01-07
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10245779.4
/ PRIOR FILING DATE: 2002-10-01
/ NUMBER OF SEQ ID NOS: 2147
/ SEQ ID NO 568
/ LENGTH: 5286
/ TYPE: DNA
/ ORGANISM: Artificial Sequence
/ FEATURE:
/ OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-517-441-568

Query Match      3.5%; Score 70.8; DB 7; Length 5286;
Best Local Similarity 44.6%; Pred. No. 0.00017;
Matches 358; Conservative 0; Mismatches 442; Indels 2; Gaps 2;
```

```
896 TAATGTAACGTCATCTAAGACACATAGAAATTTAGTACAGTTAAACCTTTTACAAAGAAAT 955
4883 TATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4824
956 TTAATATTAACGAAATCAATTTTAAACATGCTCTCGCGCTCATTAATATGGATCA 1015
4823 TATTAATATTAACATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4764
1016 CTACATGATCATCCATTAACCTTTTAAACAAATTCAGATGAATTAATATCTTACA 1075
4763 TATA-TTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4705
1076 ATGAAAGAGAGACATGCTCTTTGAAAAACAATAGGTAATCCCTCCGCTCTGA 1135
4704 TTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4645
1136 AATGTAATATGATGAGTGGACACGAGACTAAGAAAAATGTAAGTAATGTAGATA 1195
4644 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 4585
1196 AAAAGAAAGAGAGAAAGAGTGGTAAAGTAGCGGACCCACCAATATATATATGTAGTA 1255
4584 TATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4525
1256 TTAGAAAGAGTATGTAAGTATGAGTGGTGGAGTTTATATATATATATATATATATATATAT 1315
4524 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 4465
1316 TTTTGAGAAAGTTTGAATATGATAGAAATTTGAGTGGACATCCATTAAGAAAGAGTATAT 1375
4464 TTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4405
```

```
QY 1376 AGAATTAAGTGGACAGAGAGATATACCTTTATGATATATATATATATATATATATATATAT 1435
DB 4404 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 4345
QY 1436 TTTGATAGATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1495
DB 4344 TATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4285
QY 1496 TAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1555
DB 4284 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4226
QY 1556 ATGATTAATCTGAAAGAGAGAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1615
DB 4225 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 4166
QY 1616 TCAATGATATCAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1675
DB 4165 TTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4106
QY 1676 TCAAGAAATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1697
DB 4105 ATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4084
```

RESULT 4

```
US-11-033-545-592
/ Sequence 592, Application US/11033545
/ GENERAL INFORMATION:
/ APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
/ TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
/ TITLE OF INVENTION: WITH INFLAMMATORY AUTOIMMUNE DISEASE, METHODS OF DETECTION
/ TITLE OF INVENTION: AND USES THEREOF
/ FILE REFERENCE: CL000790
/ CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/033,545
/ PRIOR FILING DATE: 2005-01-12
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,401
/ PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
/ NUMBER OF SEQ ID NOS: 10823
/ SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
/ SEQ ID NO 592
/ LENGTH: 18651
/ TYPE: DNA
/ ORGANISM: Human
US-11-033-545-592
```

```
Query Match      3.3%; Score 68.4; DB 8; Length 18651;
Best Local Similarity 48.8%; Pred. No. 0.00053;
Matches 250; Conservative 0; Mismatches 251; Indels 11; Gaps 2;
```

```
QY 1201 AAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1260
DB 9943 ATAGCTAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 10002
QY 1261 AAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1320
DB 10003 AATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 10062
QY 1321 AGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1380
DB 10063 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 10122
QY 1381 TAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1440
DB 10123 TTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 10173
QY 1441 TAAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
DB 10174 TATTAATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 10231
QY 1501 CTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560
DB 10232 TTAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 10291
```


APPLICANT: HOFFLER
TITLE OF INVENTION:

... across for the improved treatment of breast cell

```

/ TITLE OF INVENTION: proliferative disorders
/ FILE REFERENCE: 47675-93
/ CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/517,441
/ CURRENT FILING DATE: 2004-12-11
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP2003/010881
/ PRIOR FILING DATE: 2003-10-01
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10317955.0
/ PRIOR FILING DATE: 2003-04-17
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10300096.8
/ PRIOR FILING DATE: 2003-01-07
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10245779.4
/ PRIOR FILING DATE: 2002-10-01
/ NUMBER OF SEQ ID NOS: 2147
/ SEQ ID NO 568
/ LENGTH: 5286
/ TYPE: DNA
/ ORGANISM: Artificial Sequence
/ FEATURE:
/ OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-517-441-568

```

[illegible][illegible]

```

RESULT 10
US-60-655-875-1533/c
; Sequence 1533, Application US/60655875
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Boukharov, Andrey
APPLICANT: Du, Zijiang
APPLICANT: Guo, Liang
APPLICANT: Kovalic, David
APPLICANT: Lu, Maolong
APPLICANT: McCarter, James
APPLICANT: Miller, Nancy
APPLICANT: Williams, Deryck
APPLICANT: Vaudin, Mark
APPLICANT: Wu, Wei
TITLE OF INVENTION: METHODS FOR GENETIC CONTROL OF HETERODERA INFESTATIONS
TITLE OF INVENTION: IN PLANTS AND COMPOSITIONS THEREOF
FILE REFERENCE: 38-21(53885)
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/60/655,875
CURRENT FILING DATE: 2005-02-24
NUMBER OF SEQ ID NOS: 171306
SEQ ID NO 1533
LENGTH: 3999
TYPE: DNA
ORGANISM: Heterodera glycines
FEATURE:
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (3918)..(3918)
OTHER INFORMATION: n is a, c, g, or t
FEATURE:
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (3946)..(3946)
OTHER INFORMATION: n is a, c, g, or t
FEATURE:
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (3964)..(3964)
OTHER INFORMATION: n is a, c, g, or t
US-60-655-875-1533

Query Match          3.2%; Score 66; DB 9; Length 3999;
Best Local Similarity 49.3%; Pred. No. 0.0013;
Matches 201; Conservative 0; Mismatches 205; Indels 2; Gaps 11

QY 1286 GTGGGATTTTATTTATTTAAATAATTTACTATTTTGAGAGAAAGTTTGAATGTATAGAAAT 1345
DB 893 GGGGGATTTTATTTTAAATTAATTTCTAAATTTTATCTAAATCTTCGATTTTTCAGCGGATA 834
QY 1346 GAGTGGGACATCCATAAAGGAAGTGTATATGAAATTAATTCGGACAGAGGAGTAATACC 1405
DB 833 AAAATATTAAATAGAAATGAGAGAGATTTCTAATTTTAAGGTAATTAATTAATTAATTTT 774
QY 1406 TTATATGATATATAAATTTTGTATTTTGAATTTTCATTAAGATTATATAATCTATGTTAAT 1465

```

```

Db      773  TTCA--ATCCTGCATTTTTTTTGGATGGAATGAATAAGATTAAATGAGAAC 716
Qy      1466 GATAATATATTTTAAAAATATCTATATTAAATTCGATTAGTCAGTACCGCTTTTA 1525
Db      715  TTTCTAATTAATATATATATATAAAATTTATTTTAAATTTTATTTTTCGATTTTAA 656
Qy      1526 TAAATTTTCAATCTAGTAAATATGAAATTAATCAAGTTATCGAAGCAATATATCTT 1585
Db      655  TTGAAATATATAAAATATTTATTAATTAAGGTTTCTTATCCGGAAATCAAAAATTT 596
Qy      1586 TGTAAAAACGGCTTCGGTCAAAATGGAAGTTCAATGTATTCATAGTTTAAATATAAA 1645
Db      595  TAAAGAAAAATCCCTTTTCATAGTATATTTTCAATACATATTTAAATTTTGCCTCA 536
Qy      1446 GTAATTTTAAATTTGTTATTTTGTTCAGAAATTTAAATAA 1693
Db      535  TGTATATTTTCAATGTTAAATTTTGTAAATAAGAAAAATTTAA 488

```

```

RESULT 11
US-10-517-441-24
; Sequence 24: Application US/10517441
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: FOERKENS, John
; APPLICANT: HARBECK, Nadia
; APPLICANT: KOENIG, Thomas
; APPLICANT: MAIER, Sabine
; APPLICANT: MARTENS, John
; APPLICANT: MODEL, Fabian
; APPLICANT: NITWIRICH, Inko
; APPLICANT: RUJAN, Tamas
; APPLICANT: SCHMITT, Armin
; APPLICANT: SCHMITT, Manfred
; APPLICANT: LOOK, Maxime P.
; APPLICANT: MARX, Almut
; APPLICANT: HOEFER, Heinz
; TITLE OF INVENTION: Method and nucleic acids for the improved treatment of breast cell
; FILE REFERENCE: 47675-93
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/517,441
; PRIOR FILING DATE: 2004-12-11
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP2003/010881
; PRIOR FILING DATE: 2003-10-01
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10317955.0
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-17
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10300096.8
; PRIOR FILING DATE: 2003-01-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10245779.4
; PRIOR FILING DATE: 2002-10-01
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2147
; SEQ ID NO 24
; LENGTH: 5286
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo Sapiens
US-10-517-441-24

```

```

Query Match      3.2%; Score 65.4; DB 7; Length 5286;
Best Local Similarity 44.9%; Pred. No. 0.0017;
Matches 450; Conservative 0; Mismatches 546; Indels 7; Gaps 5;

```

```

Qy      917  ACATGAAATTTAGTACAGTTAAACCTTTACAGAAATTTATTTAAACGAAATCATT 976
Db      66  ATATATATAATATGTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 125
Qy      977  TTATAACATGCTCTCGCGTCTATATATATAGGATCGTCACTACT-GATCACCATTAA 1035
Db      126  ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 185
Qy      1036  ACCCTGTTAAAACAATTCATGAGATTAATATCTTCAATGAAAGAGAGCAATGTC 1095
Db      186  TGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 245
Qy      1096  TCTTTGAAAAAACAATATAGTACTCCCTCCCTCTGGAATGATATCATATGGAATTGG 1155

```

```

Db      246  ATTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 305
Qy      1156  ACACGAGACTAAGAAAAATGTATAAGTAAAGTAAAGTAAAGAAAAAGAAAAAG 1215
Db      306  TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 365
Qy      1216  TGGGTAAAGTAGCGGAGCCACCAATATATATATATATATATATATATATATATAT 1275
Db      366  ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 425
Qy      1276  TAGTGGTGGGGGGGATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1334
Db      426  TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 485
Qy      1335  TGTATGAAATGAGTGGGACATCCATTAAGAAAGAAAGTATAGAAATTAATAGGACAG 1394
Db      486  TGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 545
Qy      1395  GGAATATACCT-TTATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1453
Db      546  TGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 605
Qy      1454  CTATGTTATATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1513
Db      606  AATGCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 665
Qy      1514  TACCGCTTTTAAATTTTACAAATCTGAGTAATATGAAATTAATCACTTATCTGAAAGC 1573
Db      666  TGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 722
Qy      1574  AATATATATCTTTGTAAGAAACGGTTCGCTCAATAGGAAAGTTCATGCTATCAATAGT 1633
Db      723  GTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 782
Qy      1634  TTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1692
Db      783  TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 842
Qy      1693  ATTATATGACATGGGAAGTTCACGGGATCATATGACAGCACTAGACTGTTGAACAATG 1752
Db      843  ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 902
Qy      1753  TATGTCGGGTGATCATCTATGACCTTCACTCAACTAGAGAAATATGATCTAGAAAT 1812
Db      903  TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 962
Qy      1813  ACATCTTTTCAATTTTCAACAACAACAGCTTAACTTTTCTTCAACGATGGAATCCT 1872
Db      963  ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1022
Qy      1873  TTTCAAACTTTTAAATTAATAAAATATGCTTATTTGTAATAT 1915
Db      1023  TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1065

```

```

RESULT 12
US-10-932-182A-166179/C
; Sequence 166179: Application US/10932182A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: NAKAO, YOSHIHIRO
; APPLICANT: NAKAMURA, NORIHIISA
; APPLICANT: KODAMA, YUKIKO
; APPLICANT: FUJIMURA, TOMOKO
; APPLICANT: ASHIKARI, TOSHIHIKO
; TITLE OF INVENTION: METHODS FOR ANALYZING GENES OF INDUSTRIAL YEASTS
; FILE REFERENCE: 030685-043
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/932,182A
; PRIOR FILING DATE: 2004-09-02
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 197023
; SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 166179
; LENGTH: 8391

```


TYPE: DNA
ORGANISM: Saccharomyces pastorianus
US-10-932-182A-166179

Query Match 3.1%; Score 64.6; DB 6; Length 8391;
Best Local Similarity 45.8%; Pred. No. 0.0025;
Matches 302; Conservative 0; Mismatches 349; Indels 8; Gaps 2;

```

QY 1042 TTAACAAATCAATGAGATTAATATCTTACATGAAAGAAAGACATGCTCTTGG 1101
DB 1017 TTAATTAATATATATGATATATATACCTGTATATGTTTAAATGTTAAACATTTGCTC 958
QY 1102 AAAAAAATAATAGTATCTCCCTCCCTCTGAAAATGATACATATGATGATGGACACG 1161
DB 957 ATAAATTAATATATGATGTTCAATTCCTCTCAAGATATATATTAATTAATTAATTAAT 898
QY 1162 AGACTAAGAAAATGATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1221
DB 897 ATAAATTAATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 838
QY 1222 AAGTAGCGGAGCCACCAATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1281
DB 837 TAATATGTTTATTAATAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 778
QY 1282 GTGGGTGGATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1341
DB 777 GTCCCTTAGACCCGATACATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 723
QY 1342 AATTGATGGGATCCATTAAGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1401
DB 722 TAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 663
QY 1402 TACCTTATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1461
DB 662 AATATTTTAAATTAAGATTAATCTCTCTATATATATATATATATATATATATATATAT 603
QY 1462 TATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1521
DB 602 TAAATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 543
QY 1522 TTTATATATTTTACATATCTGATATATGATATATATATATATATATATATATATATAT 1581
DB 542 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 483
QY 1582 TCTTTGTAAACAGCGCTGGCTCAATGGAGATCATGCTGATTCATATGTTTAAATAT 1641
DB 482 TAAAAAAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 423
QY 1642 AAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1700
DB 422 AA---TAAATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 367

```

RESULT 13
US-10-517-441-564

Sequence 564, Application US/10517441
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: FOKENS, John
APPLICANT: HARBECK, Nadia
APPLICANT: KOENIG, Thomas
APPLICANT: MAIER, Sabine
APPLICANT: MARTENS, John
APPLICANT: MODEL, Fabian
APPLICANT: NIMMICH, Inko
APPLICANT: RUJAN, Tamas
APPLICANT: SCHMITT, Armin
APPLICANT: SCHMITT, Manfred
APPLICANT: LOOK, Maxime P.
APPLICANT: MARK, Almuth
APPLICANT: HOEFLER, Heinz
TITLE OF INVENTION: Method and nucleic acids for the improved treatment of breast cel
FILE REFERENCE: 47675-93

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/517,441
CURRENT FILING DATE: 2004-12-11
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP2003/010881
PRIOR FILING DATE: 2003-10-01
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10317955.0
PRIOR FILING DATE: 2003-04-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 1030096.8
PRIOR FILING DATE: 2003-01-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10245779.4
PRIOR FILING DATE: 2002-10-01
NUMBER OF SEQ ID NOS: 2147
SEQ ID NO 564
LENGTH: 16579
TYPE: DNA
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-517-441-564

Query Match 3.1%; Score 64.6; DB 7; Length 16579;
Best Local Similarity 45.5%; Pred. No. 0.0027;
Matches 229; Conservative 0; Mismatches 274; Indels 0; Gaps 0;

```

QY 1176 GTATAAAGTATGTAGATTAATAAGAAAGAAAGAAAGAAAGTGGTAAAGTACGGGACCC 1235
DB 4214 GAAAGATATATTGTATAGTAGAGAAATTAATGATTTAGGTGAAATTTATGAAAT 4273
QY 1236 ACCATATATATATGATATATATTAAGAAAGTATGAAAGTATGATGATGATGATGATG 1295
DB 4274 TATTTATATTAAGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4333
QY 1296 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1355
DB 4334 TATATGTTGTTTATAGATTTTATGTTTATGTTTATGTTTATGTTTATGTTTATGTTTAT 4393
QY 1356 TCCATTAAGAAAGTATAGATTAATAATGGAACAGGAGATTAATACCTTATGATAT 1415
DB 4394 TATATTAAGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4453
QY 1416 ATAAATTTTGTATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1475
DB 4454 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4513
QY 1476 TTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1535
DB 4514 TAAATAGATGTTTGTATGTTTGTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4573
QY 1536 ATACTGAGTATATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1595
DB 4574 TAAATATTTGTTTAAAGATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4633
QY 1596 CGTTCGTCAAATGGAGATCATGTTATGATATATATATATATATATATATATATATAT 1655
DB 4634 ATTTAGTTTATTTATTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTAT 4693
QY 1656 AATTAATGTTTATTTTGTTC 1678
DB 4694 AATTGTAATATATATATTTT 4716

```

RESULT 14

US-60-655-875-7091/c
Sequence 7091, Application US/60655875
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Boukharov, Andrey
APPLICANT: Du, Zijing
APPLICANT: Guo, Liang
APPLICANT: Kovalic, David
APPLICANT: Lu, Maolong
APPLICANT: McCarter, James
APPLICANT: Miller, Nancy
APPLICANT: Williams, Deryck
APPLICANT: Vaudin, Mark

```

; APPLICANT: Wu, Wei
; TITLE OF INVENTION: METHODS FOR GENETIC CONTROL OF HETERODERA INFESTATIONS
; FILE REFERENCE: 38-21 (53885)
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/60/655,875
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 171306
; SEQ ID NO 7091
; LENGTH: 2421
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Heterodera glycines
; US-60-655-875-7091

```

Query Match 3.1%; Score 63.2; DB 9; Length 2421;
Best Local Similarity 49.5%; Pred. No. 0.0041;

Matches 190; Conservative 0; Mismatches 193; Indels 1; Gaps 1;

```

Qy 730 ATAAATGATTAATGTTAGTATTAATTAATGATCTCAATGACATTAATAATTAGAGCT 789
Db 889 ATAAATGATTAATGTTAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 830
Qy 790 ATTAATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 849
Db 829 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 770
Qy 850 GCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 909
Db 769 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 710
Qy 910 CTAAGCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 969
Db 709 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 651
Qy 970 AATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1029
Db 650 AATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 591
Qy 1030 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1089
Db 590 AATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 531
Qy 1090 AATGCTCTTTGAAAAACAATA 1113
Db 530 AATAAATTAATTAATTAATTAATTA 507

```

RESULT 15
US-10-517-441-290
; Sequence 290, Application US/10517441

GENERAL INFORMATION:

```

; APPLICANT: FOKKENS, John
; APPLICANT: HARBEC, Nadia
; APPLICANT: KOENIG, Thomas
; APPLICANT: MAIER, Sabine
; APPLICANT: MARTENS, John
; APPLICANT: MODEL, Fabian
; APPLICANT: NIMMEICH, Inko
; APPLICANT: RUJAN, Tamas
; APPLICANT: SCHMITT, Armin
; APPLICANT: SCHMITT, Manfred
; APPLICANT: LOOK, Maxime P.
; APPLICANT: MARY, Almut
; APPLICANT: HOEFER, Heinz
; TITLE OF INVENTION: Method and nucleic acids for the improved treatment of breast cell
; FILE REFERENCE: 47675-93
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/517,441
; PRIOR FILING DATE: 2004-12-11
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP2003/010881
; PRIOR FILING DATE: 2003-10-01
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10317955.0
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-17
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 1030096.8

```

```

; PRIOR FILING DATE: 2003-01-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10245779.4
; PRIOR FILING DATE: 2002-10-01
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2147
; SEQ ID NO 290
; LENGTH: 16579
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
; US-10-517-441-290

```

Query Match 3.1%; Score 63; DB 7; Length 16579;
Best Local Similarity 45.3%; Pred. No. 0.0053;

Matches 228; Conservative 0; Mismatches 275; Indels 0; Gaps 0;

```

Qy 1176 GTATTAAGTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1235
Db 4214 GAAAGATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4273
Qy 1236 ACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1295
Db 4274 TATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4333
Qy 1296 TATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1355
Db 4334 TATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4393
Qy 1356 TCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1415
Db 4394 TATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4453
Qy 1416 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1475
Db 4454 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4513
Qy 1476 TTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1535
Db 4514 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4573
Qy 1536 AATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1595
Db 4574 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4633
Qy 1596 CGTGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1655
Db 4634 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4693
Qy 1656 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1678
Db 4694 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4716

```

Search completed: March 15, 2005, 18:04:55
Job time : 1980.74 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 15, 2005, 08:26:53 / Search time 386.236 Seconds
(without alignments)
8693.245 Million cell updates/sec

Title: US-09-806-197-1

Perfect score: 2052

Sequence: 1 catgtgtgcctcacagcaca.....gcaatacatcttaataatc 2052

Scoring table: IDENTITY_NUC

Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 1202784 seqs, 818138359 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 2405568

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Maximum Match 0%

Listing first 45 summaries

Database :

Issued Patents NA:*
1: /cgn2_6/prodata/1/ina/5A_COMB.seq:*
2: /cgn2_6/prodata/1/ina/5B_COMB.seq:*
3: /cgn2_6/prodata/1/ina/6A_COMB.seq:*
4: /cgn2_6/prodata/1/ina/6B_COMB.seq:*
5: /cgn2_6/prodata/1/ina/PCTUS_COMB.seq:*
6: /cgn2_6/prodata/1/ina/Backfile1.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	241.2	11.8	2042	2	US-08-911-434A-2
2	196.6	9.6	247	2	US-08-911-434A-1
3	195.6	9.5	246	3	US-09-352-608-2
4	119	5.8	140	3	US-09-352-608-6
5	119	5.8	140	3	US-09-352-608-7
6	81.4	4.0	187169	4	US-09-949-016-12776
7	81.4	4.0	191569	4	US-09-949-016-15940
8	72.2	3.5	205044	4	US-09-949-016-15851
9	72.2	3.5	205044	4	US-09-949-016-15852
10	72.2	3.5	205044	4	US-09-949-016-15853
11	72.2	3.5	223471	4	US-09-949-016-12387
12	72.2	3.5	223471	4	US-09-949-016-12724
13	72.2	3.5	223471	4	US-09-949-016-12725
14	69.4	3.4	7218	1	US-08-232-463-14
15	68.6	3.3	1141	4	US-09-806-708B-22
16	68.6	3.3	18773	4	US-09-949-016-14164
17	68.2	3.3	1141	4	US-09-806-708B-22
18	67.8	3.3	205044	4	US-09-949-016-15851
19	67.8	3.3	205044	4	US-09-949-016-15852
20	67.8	3.3	205044	4	US-09-949-016-15853
21	67.8	3.3	223471	4	US-09-949-016-12387
22	67.8	3.3	223471	4	US-09-949-016-12724
23	67.8	3.3	223471	4	US-09-949-016-12725
24	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-30530
25	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-30531
26	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-37149
27	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-37150

28	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-37163	Sequence 37163, A
29	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-37164	Sequence 37164, A
30	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-145867	Sequence 145867, A
31	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-145868	Sequence 145868, A
32	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-146135	Sequence 146135, A
33	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-146136	Sequence 146136, A
34	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-146403	Sequence 146403, A
35	67.2	3.3	601	4	US-09-949-016-146404	Sequence 146404, A
36	67	3.3	601	4	US-09-949-016-30531	Sequence 30531, A
37	67	3.3	601	4	US-09-949-016-37150	Sequence 37150, A
38	67	3.3	601	4	US-09-949-016-37164	Sequence 37164, A
39	67	3.3	601	4	US-09-949-016-145868	Sequence 145868, A
40	67	3.3	601	4	US-09-949-016-146136	Sequence 146136, A
41	67	3.3	601	4	US-09-949-016-146404	Sequence 146404, A
42	66.2	3.2	601	4	US-09-949-016-156535	Sequence 156535, A
43	66.2	3.2	231129	4	US-09-949-016-16110	Sequence 16110, A
44	66.2	3.2	266293	4	US-09-949-016-11934	Sequence 11934, A
45	65.8	3.2	12313	4	US-09-949-016-13248	Sequence 13248, A

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-08-911-434A-2
Sequence 2, Application US/08911434A
Patent No. 5959176
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: TORIKAI, Satomi
APPLICANT: OEDA, Kenji
TITLE OF INVENTION: PLANT PROMOTER AND UTILIZATION THEREOF
NUMBER OF SEQUENCES: 14
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSER: BIRCH, STEWART, KOLASCH & BIRCH, LLP
STREET: P.O. BOX 747
CITY: FALLS CHURCH
STATE: VIRGINIA
COUNTRY: UNITED STATES OF AMERICA
ZIP: 22040
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/911,434A
FILING DATE: 12-AUG-1997
CLASSIFICATION: 800
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Stewart, Raymond C.
REGISTRATION NUMBER: 21,066
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 2185-0199P
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (703) 205-8000
TELEFAX: (703) 205-8050
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 2042 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
HYPOTHETICAL: NO
ORIGINAL SOURCE:
ORGANISM: Daucus carota L.
INDIVIDUAL ISOLATE: Kuroda Gosun
FEATURE:
NAME/KEY: promoter
LOCATION: 1..2042
US-08-911-434A-2
Query Match 11.8%; Score 241.2; DB 2; Length 2042;
Best Local Similarity 72.8%; Pred. No. 5,4e+42;

OY	1985	TCAATCTTACGACAATACTTTTCATTCTAGCATTAATTC	2045
Db	179	TCAATCTTCCGACAAACTTGAGCTTAATCTTTCTAATTTTTCAGAAAAACATTC	238
OY	2045	TAAATATC	2052
Db	239	TAAAGGTC	246

```

RESULT 4
US-09-352-608-6
; Sequence 6, Application US/09352608
; Patent No. 6218598
;
GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: ISHIGE, Fumiharu
; APPLICANT: NISHIKAWA, Satomi
; APPLICANT: OEDA, Kenji
; TITLE OF INVENTION: Plant Promoter
; FILE REFERENCE: 2185-0353P
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/352, 608
; CURRENT FILING DATE: 1999-07-13
; EARLIER APPLICATION NUMBER: 10-200372 JAPAN
; EARLIER FILING DATE: 1998-07-15
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 20
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 6
; LENGTH: 140
; TYPE: DNA
;
ORGANISM: Artificial Sequence
;
FEATURES:
; OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence:primer
; US-09-352-608-6

```

	Query Match	5.8%	Score 119;	DB 3;	Length 140;
	Best Local Similarity	92.6%;	Pred. No. 2.8e-16;		
	Matches 125;	Conservative 0;	Mismatches 10;	Indels 0;	Gaps 0;
Qy	1918 ATCAACACCCTCAACATTGATGTAGCCGACTATAAATAGTGCTCTTGGTCTCTACAT				1977TGTGCTCTACAT
Dd	5 ATCAACACCCTCAACATTGATGTAGCCGACTATAAATAGTGCTCTTGGTCTCTACAT				64
Qy	1978 CATCATCATCAATCTTTACACACAACAAACCTTGAGCTTAATTTTTCTACCTAATTCGACAAAT				2037T
Dd	65 CATCATCATCAATCTTTACACACAACAAACCTTGAGCTTAATCTTTACCTAATTTTTAGCAAA				124
Qy	2038 AACATTCTAAATATC 2052				
Dd	125 AACATTCTAAAGGTC 139				

```

RESULT 5
US-09-352-608-7/c
; Sequence 7, Application US/09352608
; Patent No. 6218598
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: ISHIGE, Fumiharu
; APPLICANT: NISHIKAWA, Seisomi
; APPLICANT: OEDA, Kenji
; TITLE OF INVENTION: Plant Promoter
; FILE REFERENCE: 2185-0353P
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/352,608
; CURRENT FILING DATE: 1999-07-13
; EARLIER APPLICATION NUMBER: 10-200372 JAPAN
; EARLIER FILING DATE: 1998-07-15
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 20
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 7
; LENGTH: 140
; TYPE: DNA

```

```

; ORGANISM: Artificial Sequence
;
; FEATURE:
;
; OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence:primer
US-09-352-608-7

```

Query	1918	ATCAACACCTCAACATTGATGTTAGCGCTACTATATAATAGTGCTCTTGTCGCTACTAT	1977
Db	140	ATCAACACCTCAACATTGATGTTAGCGCTACTATATAATAGTGCTCTTGTCGCTACTAT	81
QY	1978	CATCAACATCAATCTTAAACGCAAACTTGAGCTTAATTTTCTACTTATTTCTAGCAAT	2037
Db	80	CATCAACATCAATCTTCCAGGCAAACTTGAGCTTAATTTTCTACTTATTTTTCAGCAA	21
QY	2038	AACATTTCTAAATATC	2052
Db	20	AACATTTCTAAAGGTC	6

```

RESULT 6
US-09-949-016-12776
; Sequence 12776, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; TITLE OF INVENTION: WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
; FILE REFERENCE: CL001307
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
; CURRENT FILING DATE: 2000-04-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 12776
; LENGTH: 187169
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Human
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc feature
; LOCATION: (1) _ (187169)
; OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-12776

```

	Query Match	4.0% ; Score 81.4 ; DB 4 ; Length 187169 ;
	Best Local Similarity	45.3% ; Pred. No. 1.4e-07 ;
	Matches 417 ; Conservative	0 ; Mismatches 496 ; Indels 8 ; Gaps 3 ;
Qy	883 ATTCCTTAAAGTAATGTAAACGTAACCTTAAGCACATAGAAATTGTACAGCTTAAA	942
Db	465 AT	524
Qy	943 CTTTACAGAAATTATATTTAAACGAAATCAATTTTAAACATGCTCTGGCTGCTATT	1002
Db	525 AT	584
Qy	1003 ATATAGGGATCACTTCTGATCATTCGATTTAAACCTGTAAACCAATTCATGAGAT	1062
Db	585 TAAATATATATATCTAT	644
Qy	1063 AAAATATCTTATACATGAAAAAGAAAGACAAATGCTCTTTGAAAAACCAATAGTACTCC	1122
Db	645 AT	704
Qy	1123 TCCGTCCTCTGAATGTATACATATGATTGGACACGGAGCTTAGAAAAATGTATPAA	1182

US-09-949-016-15851
Sequence 15851, Application US/09949016
Patent No. 6812339
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
FILE REFERENCE: CL001307
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
PRIOR FILING DATE: 2000-04-14
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
SEQ ID NO 15851
LENGTH: 205044
TYPE: DNA
ORGANISM: Human
FEATURE:
NAME/KEY: misc.feature
LOCATION: (1)...(205044)
OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-15851

Query Match 3.5%; Score 72.2; DB 4; Length 205044;
Best Local Similarity 48.0%; Pred. No. 1.3e-05;
Matches 278; Conservative 0; Mismatches 288; Indels 13; Gaps 2;

QY 1135 AATGATACATATGATTTGGACAGGAGCTAAGAAATGATTAAGTAAGTGAAGT 1194
DB 200520 ATATATTTTATATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATAT 200579
QY 1195 AAAAAAGAGAGAAAGAGGAGTAAAGTAAAGCCGACCCATATATATA---TTG 1250
DB 200580 ATAAAT 200639
QY 1251 ATGATTTAGAAAAGTAGTTGAAAAGTAGGGGTGGGATTTTATATATATATAAAT 1310
DB 200640 ATATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 200699
QY 1311 TACTATTTTGAGAAAGTTTGAATGTATAGATTGAGGAGCATCCATATAAGAAAG 1370
DB 200700 AATA 200759
QY 1371 TGTATGAAATTAAGTGAAGAGGAGTAATACCTTTATGATATATATAATTTTGTAT 1430
DB 200760 TATTAATA 200819
QY 1431 TTGATTTGATTAAGATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATAC 1490
DB 200820 TTTTAAATA 200879
QY 1491 TATATTAATTCGATTAGTCGATTACCGCTTTATATATTTTACATCTGAGTAATAG 1550
DB 200880 TATTTTAAATA 200939
QY 1551 AATTAATCGATTATCGAAGAACCAATATATCTTTGTAAACAGCGTTCGGTCA--- 1606
DB 200940 TATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 200999
QY 1607 -----ATGGGAAGTTCATGTATTCATATAGTTTATATATAAGTAAATTTAAATTAA 1661
DB 201000 TATATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 201059
QY 1662 TTGTTATTTTGGTTTCAGAAATTTAAATTAATTTATGA 1700
DB 201060 TATATATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATA 201098

RESULT 9
US-09-949-016-15852
Sequence 15852, Application US/09949016
Patent No. 6812339
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
FILE REFERENCE: CL001307
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
PRIOR FILING DATE: 2000-04-14
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
SEQ ID NO 15852
LENGTH: 205044
TYPE: DNA
ORGANISM: Human
FEATURE:
NAME/KEY: misc.feature
LOCATION: (1)...(205044)
OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-15852

Query Match 3.5%; Score 72.2; DB 4; Length 205044;
Best Local Similarity 48.0%; Pred. No. 1.3e-05;
Matches 278; Conservative 0; Mismatches 288; Indels 13; Gaps 2;

QY 1135 AATGATACATATGATTTGGACAGGAGCTAAGAAATGATTAAGTAAGTGAAGT 1194
DB 200520 ATATATTTTATATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATAT 200579
QY 1195 AAAAAAGAGAGAAAGAGGAGTAAAGTAAAGCCGACCCATATATATA---TTG 1250
DB 200580 ATAAAT 200639
QY 1251 ATGATTTAGAAAAGTAGTTGAAAAGTAGGGGTGGGATTTTATATATATATAAAT 1310
DB 200640 ATATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 200699
QY 1311 TACTATTTTGAGAAAGTTTGAATGTATAGATTGAGGAGCATCCATATAAGAAAG 1370
DB 200700 AATA 200759
QY 1371 TGTATGAAATTAAGTGAAGAGGAGTAATACCTTTATGATATATATAATTTTGTAT 1430
DB 200760 TATTAATA 200819
QY 1431 TTGATTTGATTAAGATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATAC 1490
DB 200820 TTTTAAATA 200879
QY 1491 TATATTAATTCGATTAGTCGATTACCGCTTTATATATTTTACATCTGAGTAATAG 1550
DB 200880 TATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 200939
QY 1551 AATTAATCGATTATCGAAGAACCAATATATCTTTGTAAACAGCGTTCGGTCA--- 1606
DB 200940 TATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 200999
QY 1607 -----ATGGGAAGTTCATGTATTCATATAGTTTATATATAAGTAAATTTAAATTAA 1661
DB 201000 TATATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATA 201059
QY 1662 TTGTTATTTTGGTTTCAGAAATTTAAATTAATTTATGA 1700
DB 201060 TATATATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATA 201098

```
RESULT 10
US-09-949-016-15853
; Sequence 15853, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
; FILE REFERENCE: CL001307
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
; PRIORITY FILING DATE: 2000-04-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 15853
; LENGTH: 205044
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Human
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (1)...(205044)
; OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-15853
```

```
Query Match 3.5%; Score 72.2; DB 4; Length 205044;
Best Local Similarity 48.0%; Pred. No. 1.3e-05;
Matches 278; Conservative 0; Mismatches 288; Indels 13; Gaps 2;

QY 1135 AAATGTATACATGATGATGGACGAGACTAAGAAAATGRTAAAGTAACTAGT 1194
DB 200520 ATATATTTTATATATTTTAAATTAATATATATATATATATATATTTTAAAT 200579
QY 1195 AAAAAGAAAGAAAGAAAGAGTGAAGTAAAGTAAAGCCACCAATATATTA---TTG 1250
DB 200580 ATAAATATATATATATATATTTTATATATTTTAAATATATATATATATTTAT 200639
QY 1251 ATGATTTTAAAGTAAAGTGAAGTGGTGGTGGGATTTTATATATATATTAATAATT 1310
DB 200640 ATATATTTTAAATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 200699
QY 1311 TACTATTTTGAGAAAGTTTGAATGTATGAATGTAGTGGGACATCCATTAAGAAAG 1370
DB 200700 AAATATATTTATATATTTTAAATTAATATATATATATATATATATATATATA 200759
QY 1371 TGTATAGATTTAAATGGGACAGAGGAGTAACTTTATGATATATTAATTTTGTAT 1430
DB 200760 TATTAATATATATATATATATTTTATATATTTTAAATATATATATATATATA 200819
QY 1431 TTGATTTTCAATGATTAATCTATGTTATATGATATATATATTTTAAATTAATAC 1490
DB 200820 TTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATA 200879
QY 1491 TATATTAATTCGATTAATCGATTAATCGGCTTTTATATTTTAACTATGATGATATG 1550
DB 200880 TATTTTAAATATATATATATATATATATATTTTAAATTAATATATATATATA 200939
QY 1551 AATTAATCACTTATTCGAAAGCAATATATCTTTGTAACAGCGTTCGTCAA--- 1606
DB 200940 TATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATA 200999
QY 1607 -----ATGGAAGTCATGATGATTCATATGTTTAAATTAATTAAGTAATTTTAATTAA 1661
DB 201000 TATATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATA 201059
QY 1662 TTGTTATTTTGTTCAGAAATTTTAAATTAATTAATTTGA 1700
DB 201060 TATATATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTA 201098
```

```
RESULT 11
US-09-949-016-12387
; Sequence 12387, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
; FILE REFERENCE: CL001307
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
; PRIORITY FILING DATE: 2000-04-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 12387
; LENGTH: 223471
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Human
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (1)...(223471)
; OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-12387
```

```
Query Match 3.5%; Score 72.2; DB 4; Length 223471;
Best Local Similarity 48.0%; Pred. No. 1.3e-05;
Matches 278; Conservative 0; Mismatches 288; Indels 13; Gaps 2;

QY 1135 AAATGTATACATGATGATGGACGAGACTAAGAAAATGRTAAAGTAACTAGT 1194
DB 170947 ATATATTTTATATATTTTAAATTAATATATATATATATATATATTTTAAAT 171006
QY 1195 AAAAAGAAAGAAAGAAAGAGTGAAGTAAAGTAAAGCCACCAATATATTA---TTG 1250
DB 171007 ATAAATATATATATATATATTTTATATATTTTAAATATATATATATATTTAT 171066
QY 1251 ATGATTTTAAAGTAAAGTGAAGTGGTGGTGGGATTTTATATATATATTAATAATT 1310
DB 171067 ATATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATA 171126
QY 1311 TACTATTTTGAGAAAGTTTGAATGTATGAATGTAGTGGGACATCCATTAAGAAAG 1370
DB 171127 AAATATATTTTATATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATA 171186
QY 1371 TGTATAGATTTAAATGGGACAGAGGAGTAACTTTATGATATATTAATTTTGTAT 1430
DB 171187 TATTAATATATATATATATATTTTATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATA 171246
QY 1431 TTGATTTTCAATGATTAATCTATGTTATATGATATATATTTTAAATTAATTAATAC 1490
DB 171247 TTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATA 171306
QY 1491 TATATTAATTCGATTAATCGATTAATCGGCTTTTATATTTTAACTATGATGATATG 1550
DB 171307 TATTTTAAATATATATATATATATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATA 171366
QY 1551 AATTAATCACTTATTCGAAAGCAATATATCTTTGTAACAGCGTTCGTCAA--- 1606
DB 171367 TATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATA 171426
QY 1607 -----ATGGAAGTCATGATGATTCATATGTTTAAATTAATTAAGTAATTTTAATTAA 1661
DB 171427 TATATATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATA 171486
QY 1662 TTGTTATTTTGTTCAGAAATTTTAAATTAATTAATTTGA 1700
```



```
QY 1078 GAAAAGAGACAATGCTCTTTGAAAAACAATAGTAGTACCTCCGTCCTGTA 1137
DB 597 SWWWWYANNMRCRDVYTRNNYCKSYAHGYWTSNNAMRYRYSARNMSMARNTRNN 538
QY 1138 TGTATACATATGATGATTGACACGAGACATAAGAAAAATGATAAGTAATGTAAGTAA 1197
DB 537 WWSGVRWRWAGTMMWRHNNNNNTDTRYWMMKRWABTTTYDSDMCNAKSMWGNMR 478
QY 1198 AAGAAAGAGAAAAAGTGGTAAAGTAGCGGACCCCAATATATAATTGATGATT 1257
DB 477 AKCMWMAANDAGAMDHWTYMGNNNTMMWRARWMMMAWCRAYCCNNNNNRACVWHK 418
QY 1258 TAGAAAAGTAGTGAAGTAGTGCGGATTTTATATTATAAAATTACTATT 1317
DB 417 KMKRWTKTW--WKAACNNNNBKAMTRVAMMYSRDITNTDMMMTSDMBHWTVDYT 360
QY 1318 TTGAGAAAGTTTGAATGTATGAATGAGTGGAATCCATATAAGAAAGTATAG 1377
DB 359 MWRAMNNNNNNNNRBCKTSMMWMDHNTHTCTYGNNWGSAYBMAAMSWMAAGASNBVT 300
QY 1378 AATTAATGGGACAGAGGAGTATACCTTATGATATATAATTTTGTATTGATT 1437
DB 299 YNNCWRMTYMGKMTNNNNNNKAMYYRTKVACNNRYUDDVMTBKRNYKCYAUBWY 240
QY 1438 TCATAGATTATAATCTATGTATATGATAATATATATTTAAATAATACTATATTA 1497
DB 239 YBNYMGHNBWMBRABHRSNNMMWVKCRKYVSWHYHAMRYBKWABAVGCNNNMKDRM 180
QY 1498 ATTCTGATTAGTGAATACCGCCTTTTATTAATTTTACAATATCTAGTAATATAAAT 1557
DB 179 AHHHWCATNNNNMMWYAYVHHHKKGKAAMTNKKTABRDBAHVKTWYWRUYWCAM 120
QY 1558 CAGTTATCGAAAAGCAATAATATCTTTGTAAAAACAGCGTTCGCAATGGGAAGTT 1616
DB 119 CWNNAKAKVTAJMKHMYUUTDRYVSANNTGVRMMWRMCWMMYSMNNRWYRMGRKXTW 61
```

Search completed: March 15, 2005, 15:23:22
Job time : 391.236 secs

